



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ Off nl ungsschrift
⑩ DE 198 18 619 A 1

②① Aktenzeichen: 198 18 619.3
②② Anmeldetag: 21. 4. 98
④③ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// (C12N 1/21, C12R
1:19) G01N 33/68,
33/15

DE 198 18 619 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Tumor
⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasentu-
morgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodie-
ren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 619 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasenmorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasenmorgewebe, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 50 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasenmorgewebe eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, die im Blasenmorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-50 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-50 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLeo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG,

pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 51-106.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 51-106 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 50 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 51-106 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-50 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen tumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 51-106 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasen tumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen tumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 51-106 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-50, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-50 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
 5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 10 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebe ESTs.
 30 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

45 Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).
 50

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.
 60

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 17,7.x stärker im normalen Blasenmorgewebe als im normalem Blasengewebe vorkommt.
 Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0039	0.0690	0.0565	17.6998
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0180	0.0078	2.3025	0.4343
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0281	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm 0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0479	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0227	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0585	0.0000	undef
15	Lunge 0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0000	0.0274	0.0000	undef
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
30		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
35	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
40	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
50	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
60	Uterus_n 0.0000			
65				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0307	0.0000	undef	5
Brust	0.0307	0.0376	0.8166	1.2245	
Duenn darm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904	
Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402	
Endokrines Gewebe	0.0255	0.0075	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0185	0.0216	0.8571	1.1667	
Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892	
Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0575	0.0351	1.6399	0.6098	
Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983	
Muskel-Skelett	0.0308	0.0300	1.0280	0.9728	
Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839	
Brust-Hyperplasie	0.0512				
Prostata-Hyperplasie	0.0268				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0305				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0157				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0213				
Lunge	0.0289				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0185				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0122				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0463				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0230	0.0000 undef	5
Brust	0.0090	0.0094	0.9527 1.0496	
Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487	
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391 0.6949	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434 1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283 1.2072	10
Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600 2.7779	
Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000 undef	
Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0093	0.0143	0.6532 1.5310	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5060	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913 1.0088	20
Pankreas	0.0149	0.0055	2.6923 0.3714	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0167			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0354			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0272			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0151			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0259			60
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0060			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0155			65
Uterus_n	0.0250			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0204	0.0000 undef	5
Brust	0.0038	0.0075	0.5104 1.9593	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513 0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799 0.9260	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084 3.2426	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0052	0.0143	0.3629 2.7557	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668 0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0242			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0151			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0259			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0250			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917 3.4287
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513 0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698 5.8889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0370	0.0518 19.3158
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719 0.5342
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023 0.9977
	Hoden	0.0288	0.0468	0.6150 1.6261
	Lunge	0.0031	0.0143	0.2177 4.5929
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0153	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0751
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0540
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0201
	Prostata	0.0205
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0375

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403 2.9389	
Duennndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0044	0.0144	0.3086 3.2409	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0031	0.0082	0.3810 2.6245	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0064	1.3648 0.7327	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0608	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0029	
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	60
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0080	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0025	6.1132	0.1636
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0113	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
-- Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0065	0.0298	0.2193 4.5590
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0106		

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0557
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
65	Sinnesorgane	0.0387
	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				55
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0023				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0345	0.0117	2.9518	0.3388
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0153	0.0000 undef	5
Brust	0.0051	0.0395	0.1296 7.7146	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0234	0.2558 3.9088	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0381	0.0129	2.9412 0.3400	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0073	0.0245	0.2964 3.3743	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0537	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0420	0.3263 3.0643	
Niere	0.0163	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499 20.0570	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706 5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445 0.4455	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0319			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0278			
Gastrointestinal	0.0583			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0354			40
Haut	0.5025			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0542			
Nebenniere	0.0761			45
Niere	0.1235			
Placenta	0.0727			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.1255			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0709			55
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0175			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0162			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.1278	0.0305	32.7774
	Brust 0.0179	0.0414	0.4331	2.3091
	Duennndarm 0.0031	0.1323	0.0232	43.1571
	Eierstock 0.0090	0.0234	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe 0.0358	0.0301	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0374	0.0491	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre 0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0017	0.2209	0.0075	133.7133
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0267			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0106			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
45	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0667			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.1224			
	Eierstock_n 0.0000			
55	Eierstock_t 0.1013			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0268			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0057			
60	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0246			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0205			
65	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0125			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0537	0.0726	13.7665	5
Brust	0.0077	0.0207	0.3712	2.6940	
Duennndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0078	1.9188	0.5212	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0100	1.0189	0.9815	
Gastrointestinal	0.0421	0.0093	4.5559	0.2195	10
Gehirn	0.0118	0.0195	0.6063	1.6494	
Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0518	0.0919	10.8799	
Herz	0.0127	0.0275	0.4626	2.1618	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163	15
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357	
Prostata	0.0174	0.0192	0.9099	1.0990	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0167	
Gehirn	0.0438	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0181	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0247	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0087	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.2556	0.0763	13.1109
	Brust 0.0166	0.0357	0.4656	2.1477
	Duennndarm 0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock 0.0389	0.0052	7.4832	0.1336
	Endokrines_Gewebe 0.0392	0.0326	1.2017	0.8321
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0606	0.0122	81.9491
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch 0.0238	0.0518	0.4596	2.1760
15	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0600	0.0480	1.2493	0.8005
	Niere 0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
20	Pankreas 0.0198	0.0331	0.5983	1.6714
	Penis 0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1155	0.2641	3.7870
25	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointestinal 0.3332
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.2202
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 1.6381
	Herz-Blutgefuesse 0.0285
	Lunge 0.1337
	Nebenniere 1.0903
45	Niere 0.6301
	Placenta 0.6786
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0544
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.1063
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.4264
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0250

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.2301	0.0847 11.7998	5
Brust	0.0192	0.0113	1.7013 0.5878	
Duendarm	0.0061	0.0331	0.1854 5.3946	
Eierstock	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.1555	0.0219 45.6387	
Gastrointestinal	0.0000	0.0370	0.0000 undef	10
Gehirn	0.0214	0.1561	0.1374 7.2801	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0197	0.0020	9.6527 0.1036	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.1320	0.0260 38.5221	
Niere	0.0109	0.0068	1.5861 0.6305	20
Pankreas	0.0083	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0475	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0213			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0417			
Gastrointestinal	0.1361			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.1337			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.3380			
Herz-Blutgefuesse	0.0249			
Lunge	0.0578			
Nebenniere	0.5071			
Niere	0.2594			45
Placenta	0.4120			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0612			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.1188			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0141			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0416			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0383	0.1017	9.8332
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0358	0.1090	9.1777	5
Brust	0.0077	0.0207	0.3712	2.6940	
Duennndarm	0.0215	0.0331	0.6488	1.5413	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0575	0.0046	12.4251	0.0805	10
Gehirn	0.0000	0.0072	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef	15
Hoden	0.0000	0.0585	0.0000	undef	
Lunge	0.0104	0.0225	0.4618	2.1652	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0257	0.0120	2.1416	0.4669	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.3144	0.1116	8.9591
	Brust	0.0281	0.0470	0.5989	1.6698
	Duennndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines_Gewebe	0.0596	0.0527	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0022	0.0945	0.0235	42.5950
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0540	1.4595	0.6852
20	Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.4554
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.2753
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	1.6381
	Herz-Blutgefuesse	0.0605
	Lunge	0.1879
	Nebenniere	1.1663
45	Niere	0.8215
	Placenta	0.7816
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.1164
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.4665
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0332	0.1173 8.5221	5
Brust	0.0038	0.0263	0.1458 6.8574	
Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0156	0.9594 1.0423	
Endokrines Gewebe	0.0170	0.0075	2.2642 0.4417	
Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917 1.6901	10
Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781 0.8488	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225 8.1599	
Herz	0.0339	0.0137	2.4671 0.4053	15
Hoden	0.0288	0.0234	1.2299 0.8130	
Lunge	0.0218	0.0184	1.1854 0.8436	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0291	0.0240	1.2136 0.8240	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913 1.0088	20
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991 3.3428	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0149	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0118			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
Zervix	0.0213			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0139			
Gastrointestinal	0.0056			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			40
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0320			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0354			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0105			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0454			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0211			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.1457	0.1338	7.4732
	Brust	0.0013	0.0169	0.0756	13.2250
	Duenndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0090	0.0260	0.3454	2.8954
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.1648	0.0231	7.1237	0.1404
	Gehirn	0.0030	0.0308	0.0960	10.4173
	Haematopoetisch	0.2099	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.2006	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0819	0.0000	undef
	Lunge	0.0956	0.2965	0.3223	3.1023
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.1917	0.0504	19.8329
	Muskel-Skelett	0.0959	0.0240	3.9977	0.2501
20	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0497	0.3656	2.7350
	Penis	0.0030	0.1333	0.0225	44.5175
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.2076
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0281	0.1387	7.2110	5
Brust	0.0217	0.0132	1.6527	0.6051	
Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024	
Gehirn	0.0148	0.0154	0.9599	1.0417	15
Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0360	0.2380	4.2024	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				
Zervix	0.0106				50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefasse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0256	0.1525	6.5555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
60	-- Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0256	0.1525	6.5555	5
Brust	0.0115	0.0150	0.7656	1.3062	
Duennndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474	10
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	
Gehirn	0.0074	0.0092	0.8000	1.2501	15
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	20
Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0104	0.0082	1.2701	0.7873	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807	
Prostata	0.0087	0.0149	0.5849	1.7096	35
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0178				45
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0111
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefuesse	0.0071
Lunge	0.0217
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0062
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0181
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0090
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0232
Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.1968	0.1585	6.3096
	Brust	0.0281	0.0526	0.5347	1.8702
	Duennndarm	0.2177	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0494	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.2778	0.0324	8.5792	0.1166
	Gehirn	0.0007	0.0133	0.0554	18.0566
	Haematopoetisch	0.1470	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.1876	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.2339	0.0000	undef
	Lunge	0.0623	0.1206	0.5166	1.9356
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1216	0.0300	4.0548	0.2466
	Niere	0.0081	0.1027	0.0793	12.6097
20	Pankreas	0.0743	0.2209	0.3365	2.9714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.1713	0.1594	6.2745	5
Brust	0.0217	0.0395	0.5509	1.8152	
Duennndarm	0.1901	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0390	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.2491	0.0278	8.9737	0.1114	
Gehirn	0.0000	0.0113	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.1297	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.1423	0.0000	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.2105	0.0000	undef	
Lunge	0.0457	0.0818	0.5588	1.7894	20
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0822	0.0240	3.4266	0.2918	
Niere	0.0054	0.1027	0.0529	18.9146	
Pankreas	0.0694	0.2430	0.2855	3.5020	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.4525	0.1896	5.2742
	Brust	0.1279	0.0977	1.3087	0.7641
	Duendarm	0.4998	0.2150	2.3242	0.4302
	Eierstock	0.0180	0.1353	0.1328	7.5280
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.7434	0.1341	5.5413	0.1805
	Gehirn	0.0030	0.0524	0.0565	17.7093
	Haematopoetisch	0.6884	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0381	0.7635	0.0499	20.0598
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
15	Hoden	0.0000	0.1403	0.0000	undef
	Lunge	0.2773	0.5418	0.5119	1.9536
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.3450	0.1961	5.0999
	Muskel-Skelett	0.3203	0.0660	4.8544	0.2060
20	Niere	0.0163	0.1780	0.0915	10.9284
	Pankreas	0.0529	0.2319	0.2279	4.3875
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0828	0.0192	4.3220	0.2314
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1837
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.0405
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0204	0.1907 5.2444	5
Brust	0.0077	0.0056	1.3611 0.7347	
Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391 0.6949	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285 0.9723	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0073	0.0143	0.5080 1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0043	3.5827 0.2791	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.2513			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0152			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			60
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			65
Uterus_n	0.0000			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0231	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
60	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0429	0.2173	0.1974 5.0656	5
Brust	0.0409	0.0357	1.1462 0.8725	
Duennndarm	0.1870	0.0662	2.8269 0.3537	
Eierstock	0.0030	0.0833	0.0360 27.7957	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.2740	0.0740	3.7016 0.2702	10
Gehirn	0.0007	0.0216	0.0343 29.1683	
Haematopoetisch	0.2165	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.3429	0.0277 36.0397	
Herz	0.0074	0.0275	0.2698 3.7059	15
Hoden	0.0000	0.0585	0.0000 undef	
Lunge	0.1039	0.1738	0.5977 1.6731	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0920	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0994	0.0420	2.3660 0.4227	
Niere	0.0054	0.0753	0.0721 13.8707	20
Pankreas	0.0231	0.1160	0.1994 5.0142	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0262	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0512			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0319			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0612			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0152			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0588	0.1990	5.0259
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0539	0.0130	4.1445	0.2413
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0075	2.4906	0.4015
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0133	0.0123	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
15	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
	Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
		FOETUS			
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0555			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0254			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2430			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0338			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0680			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.1166			

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.1227	0.2225	4.4952	5
Brust	0.0243	0.0263	0.9236	1.0828	
Duenn darm	0.1625	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0364	0.0000	undef.	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.2146	0.0093	23.1935	0.0431	10
Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.1203	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.1229	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef	
Lunge	0.0353	0.0900	0.3926	2.5473	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0857	0.0120	7.1388	0.1401	
Niere	0.0081	0.0753	0.1081	9.2471	
Pankreas	0.0529	0.1381	0.3829	2.6116	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862	
Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0332	0.2347	4.2611
	Brust	0.0153	0.0169	0.9074	1.1021
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0210	0.0130	1.6118	0.6204
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0185	0.0226	0.8181	1.2223
	Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0201	0.0137	1.4649	0.6827
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0166	0.0164	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0332	0.2347	4.2611	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	25
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272	36.7712	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	45
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	50
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	70
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	75
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.2607	0.2393	4.1791
	Brust	0.0051	0.0282	0.1815	5.5104
	Duennndarm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0937	0.0320	31.2702
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.1360	0.0694	1.9604	0.5101
10	Gehirn	0.0015	0.0318	0.0464	21.5290
	Haematopoetisch	0.1337	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.4594	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
15	Hoden	0.0000	0.1754	0.0000	undef
	Lunge	0.0540	0.2086	0.2590	3.8610
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0767	0.2521	3.9666
	Muskel-Skelett	0.1747	0.0240	7.2815	0.1373
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
20	Pankreas	0.0611	0.0773	0.7906	1.2649
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0021	9.2126	0.1085
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0702	0.2761	0.2542	3.9333	5
Brust	0.0614	0.0620	0.9899	1.0102	
Duenndarm	0.2024	0.1489	1.3594	0.7356	
Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832	10
Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0025	10.1887	0.0981	
Gastrointestinal	0.4138	0.0740	5.5913	0.1788	
Gehirn	0.0044	0.0431	0.1029	9.7228	15
Haematopoetisch	0.5774	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.3364	0.0848	11.7866	20
Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235	
Hoden	0.0000	0.2689	0.0000	undef	
Lunge	0.1735	0.2678	0.6476	1.5441	25
Magen-Speiserohre	0.0870	0.1917	0.4538	2.2037	
Muskel-Skelett	0.2193	0.0180	12.1835	0.0821	
Niere	0.0136	0.1164	0.1166	8.5746	30
Pankreas	0.0677	0.1822	0.3717	2.6906	
Penis	0.0030	0.1333	0.0225	44.5175	
Prostata	0.0327	0.0085	3.8386	0.2605	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0927				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0267				45
Sinnesorgane	0.2823				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087				
Zervix	0.0426				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0056	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0157	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	45
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0000	50
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.4082	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.3493	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0082	
Gastrointestinal	0.1953	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0491	65
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust 0.0166	0.0320	0.5204	1.9216
	Duenn darm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe 0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn 0.0067	0.0442	0.1507	6.6362
	Haematopoetisch 0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
	Herz 0.0625	0.1512	0.4135	2.4182
15	Hoden 0.0345	0.0117	2.9518	0.3388
	Lunge 0.0322	0.0286	1.1249	0.8889
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0668	0.1260	0.5303	1.8857
	Niere 0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
20	Pankreas 0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis 0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
25	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0356			
	Sinnesorgane 0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0319			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0520
	Herz-Blutgefuesse 0.0107
	Lunge 0.0325
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0494
	Placenta 0.0909
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0297
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.1355	0.2878	3.4744	5
Brust	0.0269	0.0564	0.4764	2.0992	
Duennndarm	0.1932	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0312	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.2203	0.0509	4.3300	0.2309	10
Gehirn	0.0000	0.0103	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0882	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef	
Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412	15
Hoden	0.0000	0.0702	0.0000	undef	
Lunge	0.0478	0.1472	0.3246	3.0809	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.1011	0.0120	8.4237	0.1187	
Niere	0.0054	0.0548	0.0991	10.0878	
Pankreas	0.0099	0.0552	0.1795	5.5714	20
Penis	0.0000	0.2933	0.0000	undef	
Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

46

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0195	0.0639	0.3051 3.2777	5
Brust	0.0345	0.0470	0.7350 1.3606	
Duenndarm	0.0399	0.1985	0.2008 4.9797	
Eierstock	0.0150	0.0676	0.2214 4.5168	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0878	0.2717 3.6805	
Gastrointestinal	0.0862	0.1064	0.8103 1.2341	10
Gehirn	0.0067	0.0277	0.2400 4.1669	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0587	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882 1.7000	
Herz	0.0011	0.0962	0.0110 90.7941	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0062	0.0164	0.3810 2.6245	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.3450	0.1120 8.9248	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000 undef	
Niere	0.0760	0.1643	0.4626 2.1617	20
Pankreas	0.0677	0.0276	2.4530 0.4077	
Penis	0.0090	0.0533	0.1685 5.9357	
Prostata	0.0109	0.0255	0.4265 2.3446	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806 3.5642	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000 undef	
Brust-Hyperplasie	0.0576			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.1068			
Sinnesorgane	0.0235			30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
Zervix	0.0319			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0813	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0309	45
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	55
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	
Gastrointestinal	0.4149	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	60
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0573	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	65
Uterus_n	0.0000	

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0511	0.3051	3.2777
	Brust	0.0166	0.0320	0.5204	1.9216
	Duenndarm	0.0828	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0416	0.0720	13.8979
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.1226	0.0278	4.4178	0.2264
	Gehirn	0.0000	0.0123	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0481	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.1294	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.1403	0.0000	undef
	Lunge	0.0447	0.1390	0.3213	3.1128
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0060	8.2810	0.1208
20	Niere	0.0054	0.0685	0.0793	12.6097
	Pankreas	0.0215	0.0166	1.2963	0.7714
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0117	0.0383	0.3051 3.2777	5
Brust	0.0179	0.0207	0.8661 1.1546	
Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830 0.6743	
Eierstock	0.0329	0.0156	2.1106 0.4738	
Endokrines Gewebe	0.0221	0.0326	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045 0.9054	10
Gehirn	0.0296	0.0288	1.0285 0.9723	
Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940 2.0241	
Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200	
Herz	0.0201	0.0550	0.3662 2.7306	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0218	0.0225	0.9699 1.0311	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0383	1.0084 0.9916	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139 1.4008	
Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603	20
Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235 1.9102	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0327	0.0319	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef	25
Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0139	
Gehirn	0.0313	
Haematopoetisch	0.0039	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefasse	0.0071	
Lunge	0.0217	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0424	
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		50
%Haeufigkeit		
Brust	0.0408	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0405	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0087	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0231	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0251	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus n.	0.0125	65

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1170	0.3067	0.3814	2.6222
	Brust	0.3019	0.2387	1.2646	0.7908
	Duendarm	1.1559	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0676	0.1771	5.6460
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	1.2798	0.1804	7.0940	0.1410
	Gehirn	0.0007	0.0380	0.0195	51.3918
	Haematopoetisch	0.4785	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1322	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.4594	0.0621	16.0932
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0000	0.2456	0.0000	undef
	Lunge	0.3625	0.3435	1.0554	0.9475
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.1533	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.2124	0.0480	4.4260	0.2259
20	Niere	0.0163	0.1917	0.0850	11.7691
	Pankreas	0.1074	0.4528	0.2371	4.2171
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0806	0.0255	3.1562	0.3168
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.3805			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.5175			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.7687
	Eierstock_n	0.0000
55	Eierstock_t	0.1924
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911	5
Brust	0.0550	0.1297	0.4241	2.3580	
Duenndarm	0.0123	0.1654	0.0741	13.4866	
Eierstock	0.0449	0.0728	0.6167	1.6214	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0153	0.1018	0.1506	6.6398	10
Gehirn	0.0037	0.0359	0.1029	9.7228	
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985	
Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333	
Herz	0.0233	0.0825	0.2827	3.5374	15
Hoden	0.0460	0.0351	1.3119	0.7622	
Lunge	0.0551	0.0491	1.1219	0.8913	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0613	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.1148	0.3120	0.3679	2.7180	
Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044	20
Pankreas	0.0116	0.0884	0.1309	7.6408	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0087	0.0319	0.2730	3.6634	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.1902	0.3206	3.1187	25
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0532				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.1809
Gastrointestinal	0.1388
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0551
Haut	0.2513
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0605
Lunge	0.1409
Nebenniere	0.2535
Niere	0.1235
Placenta	0.0364
Prostata	0.0748
Sinnesorgane	1.3934

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0304
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0315
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0518
Hoden	0.0231
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0624	0.1380	0.4520	2.2125
	Brust	0.0345	0.0564	0.6125	1.6327
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0689	0.0520	1.3239	0.7553
	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0276	1.4202	0.7041
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0648	0.7100	1.4084
	Gehirn	0.0333	0.0678	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch	0.0374	0.0758	0.4940	2.0241
	Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
	Hepatisch	0.1142	0.0518	2.2059	0.4533
	Herz	0.0774	0.7010	0.1104	9.0616
15	Hoden	0.2589	0.1520	1.7030	0.5872
	Lunge	0.0540	0.0491	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.1256	0.2070	0.6069	1.6477
	Muskel-Skelett	0.1542	0.2100	0.7343	1.3619
	Niere	0.0109	0.0959	0.1133	8.8268
20	Pankreas	0.0198	0.1270	0.1561	6.4071
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0785	0.0511	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0679	0.6734	1.4851
25	Uterus_allgemein	0.0764	0.0954	0.8006	1.2490
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0624			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0529			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0249
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.3333
	Prostata	0.1995
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1156
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1873
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0486
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0541

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.1278	0.4576	2.1852	5
Brust	0.0742	0.0507	1.4619	0.6841	
Duenn darm	0.1134	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0659	0.0390	1.6885	0.5922	10
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437	0.5424	
Gastrointestinal	0.0690	0.0694	0.9940	1.0060	
Gehirn	0.0325	0.0893	0.3641	2.7464	15
Haematopoetisch	0.0842	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.1855	0.0647	2.8677	0.3487	20
Herz	0.0435	0.0962	0.4516	2.2145	
Hoden	0.0230	0.0585	0.3936	2.5408	
Lunge	0.2275	0.1063	2.1396	0.4674	25
Magen-Speiserohre	0.0483	0.1993	0.2424	4.1252	
Muskel-Skelett	0.0857	0.0720	1.1898	0.8405	
Niere	0.0706	0.0274	2.5774	0.3880	30
Pankreas	0.0347	0.2927	0.1185	8.4367	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0458	0.0319	1.4331	0.6978	35
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0204	2.9927	0.3341	
Uterus_allgemein	0.0917	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0416				
Prostata-Hyperplasie	0.0386				
Samenblase	0.0267				45
Sinnesorgane	0.1647				
Weisse_Blutkoerperchen	0.2497				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0916
Gehirn	0.0500
Haematopoetisch	0.0865
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0520
Herz-Blutgefuesse	0.0178
Lunge	0.0434
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0432
Placenta	0.1636
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.1156
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0354
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0571
Gastrointestinal	0.0854
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0154
Lunge	0.0491
Nerven	0.0562
Prostata	0.0615
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.1957

DE 198 18 619 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.1099	0.4967	2.0135
	Brust	0.0563	0.0489	1.1517	0.8683
	Duennndarm	0.1380	0.0331	4.1708	0.2398
	Eierstock	0.0599	0.0650	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1804	0.7328	1.3647
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072	1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
	Herz	0.1166	0.1649	0.7067	1.4150
15	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.1070	0.1329	0.8050	1.2422
	Magen-Speiserohre	0.1450	0.0613	2.3635	0.4231
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555	0.3502
	Niere	0.0570	0.0753	0.7570	1.3210
20	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108	9.0256
	Penis	0.0779	0.0267	2.9202	0.3424
	Prostata	0.0610	0.0255	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179	0.3427
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.1810			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.1802
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt. 5

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen. 10

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten: 15

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung). 20
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *s*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II). 25

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann. 30

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasentumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 35

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.54	identisch zum humanen IgG aus V-D-J δ Region	202	202	
2	99.51	unbekannt	287	1926	unbekannt
3	99.2	unbekannt	196	762	unbekannt
4	98.58	unbekannt	295	918	unbekannt
5	97.43	unbekannt	303	1146	unbekannt
6	97.43	identisch zum Kaposi Sarcoma-assoziierten Herpesvirus Glycoprotein M	173	2407	
7	95.29	Hyaluronectin (HN) ist ein Glykoprotein, dass Hyaluron bindet und oft in humanen Tumoren gefunden wird	204	1471	unbekannt
8	95.29	unbekannt	186	1732	unbekannt
9	95.29	unbekannt	197	989	unbekannt
10	91.23	unbekannt	150	150	unbekannt
11	91.23	unbekannt	286	1467	unbekannt
12	91.23	unbekannt	221	895	unbekannt
13	91.23	mitochondriales Enzym	223	467	Chromosom 7
14	91.23	identisch zum humanen Collagen I (alpha-1 Kette)	198	511	
15	100	identisch zum humanen Keratin K7 (Typ II)	196	1899	
16	100	unbekannt	228	758	unbekannt
17	99.97	identisch zum humanen Cofilin	123	302	
18	100	das H19 Gen wird nur vom maternalen Chromosom exprimiert und stellt möglicherweise ein Tumor-Suppressorgen dar	230	824	unbekannt
19	100	identisch zum humanen IGF-2 Wachstumsfaktor	80	2190	
20	99.56	unbekannt	271	2565	unbekannt
21	99.26	identisch zum humanen IgV-L (Klon VL 29-1)	227	461	
22	100	identisch zum humanen H19	213	2096	
23	98.77	mitochondriales Enzym	203	1348	unbekannt
24	100	identisch zum humanen Anti-Hepatitis A IgG Variable Region	209	358	
25	96.49	identisch zum humanen Saposin	89	89	
26	94.05	Gen, dass durch IL6 induziert wird	229	1632	unbekannt
27	94.05	unbekannt	195	2972	unbekannt
28	100	identisch zu Immunglobulin M schwere Kette V Region	207	496	
29	100	identisch zur humanen Ig schweren Kette (variable Region)	212	397	
30	100	identisch zur cDNA, die die leichte Kette eines monoklonalen Antikörpers kodiert, der gegen das humane Cytomegalovirus 65 kD Protein gerichtet ist	243	772	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
31	90.26	unbekannt	210	1031	unbekannt
32	90.26	mitochondriales Enzym	184	739	unbekannt
33	100	identisch zur Ig kappa leichten Kette variable Region D11.	89	651	
34	99.76	identisch zum humanen hsp27	197	823	
35	100	identisch zur Ig schweren Kettenvariablen Region V(2-1) (v(h)-iv Familie).	231	457	
36	93.95	unbekannt	203	1203	unbekannt
37	93.95	identisch zur Immunoglobulin leichten Kette variable Region (lambda-IIIb Untergruppe) von IgM Rheuma-bezogener Faktoren.	207	207	
38	100	identisch zu US-Patent	135	346	
39	100	identisch zu einer Immunoglobulin lambda leichten Kette (X57812)	237	926	
40	99.42	identisch zur humanen hPGL mRNA, die das "bone small proteoglycan I" kodiert	73	2384	
41	99.99	identisch zu patentierter Sequenz	194	334	
42	99.77	identisch zu patentierter Sequenz	98	845	
43	99.11	identisch zur CD24 "signal transducer mRNA"	178	2233	
44	97.85	identisch zur humanen Ig schweren Kette variablen Region (Klon M49)	242	243	
45	94.61	unbekannt	220	817	unbekannt
46	100	identisch zur Ig Alpha 1-Alpha 2m=Immunoglobulin A1-A2 lambda hybrid GAU schwere Kette (secreted alpha chain)	200	1644	
47	93.7	identisch zu Pro-alpha 2(I) collagen (COL1A2) Gen	262	1133	
48	99.54	identisch zu humanen NIC (Natural Inhibitor of Collagenase)	180	969	
49	99.28	identisch zur humanen Ferritin L Kette	104	617	
50	97.9	identisch zum humanen Calcyclin Gen (auch Prolactin-Rezeptor assoziiertes Protein)	210	704	

TABELLE II

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	2	128
		129
10		130
	3	131
		132
15		133
	4	134
		135
20		136
	5	137
		138
25		139
	7	140
		141
30		142
	8	143
	9	144
		145
35		146
	10	147
		148
40		149
	11	150
		151
45		152
	12	153
		154
50		155
	13	156
		157
55		158
	16	159
		160
60		161

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
18	162	5
	163	
	164	
	165	10
20	166	
	167	
	168	15
23	169	
	170	
26	171	20
	172	
27	173	
31	174	25
32	175	
	176	
	177	30
36	178	
	179	
	180	35
45	181	
	182	
	183	40

Die erfunderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 51–106 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Blasentumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 106

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1

```
tgagagtcacat ggacctcctg caacaagaaca tgaacacacct gtggttcttc ctctctcctgg 60
tggcagctcc _cagatgggtc ctgtcccagg tgcagctaca gcagtggggc gcaggactgt120
tgaagccttc ggagaccctg tccctaacat gcgctgtctc cggtagactct tccagtactt180
actactggga ttggatccgc ca                                     202
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1926 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

ttgcgatggc t gatggactg tggctctcta accaaaggac cctagcgggc tcaacaattg 60
tcaagagcag ttggtggttc tgaatacaat cctcagccaa ggatccctcc tgtgttacag 120
atggatcagc taaaacaagc caaactgaa gacacaaaga atgaggttag gttcattgaa 180
accagggtaa cacctgtgga tgagctaaac acaaagatga caatgacctt gtaccaggta 240
tagaagctca gagacatgcc tgcaaaatga aatccctgag gaattttgca gctaccaga 300
gatacgtggt tcaaatataa atgtctgacg gatcactcat ttgaggaaca gcacatcagc 360
ttcgcccttt acgtggacaa taggtttttt actttgacgg tgacaagtct ccacctgggtg 420
ttccagatgg gagtcatatt cccacaataa gcagccctta ctaagccgag agatgtcatt 480
cctgcaggca ggacatatag gcacgtgaag atttgaatga aagtacagtt ccatttgga 540
gccagacat aggatgggtc agtgggcatg gctctattcc tattctcaaa ccattgccagt 600
ggcaacctgt gctcagtcgt aagacaatgg acccagctta ggtgtgacac gttcacataa 660
ctgtgcagca catgccggga gtgatcagtc agacatttta atttgaacca egtatctctg 720
ggtagctaca aaattcctca gggatttcat tttgcaggca tgtctctgag cttctatacc 780
tgctcaaggt cagtgatcat tttgtgttta gctcatccaa aggtgttacc ctggtttcaa 840
tgaacctaac ctctattctt gtgtcttcag tgttggtctg ttttagctga tccatctgta 900
acacaggagg gatccttggc tgaggattgt atttcagaac caccaactgc tcttgacaat 960
tgtaaaccgg ctaggctcct ttggttagag aagccacagt ccttcagcct ccaattgggtg 1020
tcagtaacta tgaagaccac agctagatgg acaaacagca ttgggaggcc ttagccctgc 1080
tcctctcaat tccatcctgt agagaacagg agtcaggagc cgctggcagg agacagcatg 1140
tcacccagga ctctgccggt gcagaatatg aacaatgcca tgttcttgca gaaaacgctt 1200
agcctgagtt tcataggagg taatcaccag acaactgcag aatgtagaac actgaagcagg 1260
acaactgacc tgtctccttc acatagtcca tatcaccaca aatcacacaa caaaaaggag 1320
aagagatatt ttgggttcaa aaaaagttaa aagataatgt agctgcattt ctttagttat 1380
tttgaagccc caaatatttc ctcatctttt tgttggtgtc atggatggtg gtgacatgga 1440
cttggtttata gaggacaggt cagctgtctg gctcagtgat ctacattctg aagttgtctg 1500
aaaatgtctt catgattaaa ttcagcctaa acgttttgcc gggaaacactg cagagacaat 1560
gctgtgagtt tccaacctca gcccatctgc gggcagagaa ggtctagttt gtccatcacc 1620
attatgatat caggactggt tacttggtta aggagggtc taggagatct gtccctttta 1680
gagacacctt acttataatg aagtacttgg gaaagtgtt ttcaagagta taaatatcct 1740
gtattctaat gatcatcctc taaacatttt atcattttat aatcctccct gcctgtgtct 1800
attattatat tcatatctct acgctgcaaa ctttctgcct caatgtttac tgtgcctttg 1860
tttttgctag tgtgtgttgt tgaaaaaaa aacattccct gcctaagtta gttttggcaa 1920
agtatt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 762 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```

ctccactgca accacccaga gccatggctc cccgaggctg catcgtagct gtctttgcc 60
ttttctgcat ctccaggctc ctctgctcac acggagcccc agtggcccc atgactcctt120
acctgatgct gtgccagcca cacaagagat gtggggacaa gttctacgac cccctgcagc180
actgttgcta tgatgatgcc gtcgtgccct tggccaggac ccagacgtgt ggaaactgca240
ccttcagagt ctgctttgag cagtgtgccc cctggacctt catggtgaag ctgataaacc300
agaactgcga ctcagcccgg acctcggatg acaggctttg tcgcagtgtc agctaattgga360
acatcagggg aacgatgact cctggattct ccttcctggg tgggcctgga gaaagaggct420
ggtgttacct gagatctggg atgctgagtg gctgtttggg ggccagagaa acacacactc480
aactgccac ttattctgtg gacctgtctg aggccacccc tgccgtgcc ctgaggaggc540
ccacaggtcc ccttctagaa ttctggacag catgagatgc gtgtgtgat gggggcccag600
ggactctgaa cctcctgat gaccctatg gccaacatca acccggcacc accccaaggc660
tggtgggga acccttcacc cttctgtgag atttccatc atctcaagtt ctcttctatc720
caggagcaaa gcacaggatc ataataaatt tatgtacttt aa 762

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 918 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag ccttcccgtc ccctgcttgc aaagtgggtg 60
tgccccaagg tccgctcca ggccacgtgg gtgctgcggg ccaagcttcc ccttcctttg120
agagaggttt ccgctgtagg agcagagctt ccgggtgcg ctcttcgttg cccagtttcc180

```

DE 198 18 619 A 1

```

gctcagtggt cgcgtctccg cccccaccc accagtcggt ctgcattctc ggcggggctc240
taggcgccat ggctccccgc gggagggaagc gtaaggctga ggccgcggtg gtggccgtag300
ccgagaagcg agagaagctg gcgaacggcg gggagggaat ggaggaggcg accgttggtta360
tcgagcattg cactagctga cgcgtctatg ggcgcaacgc cgcggccctg agccaggcgc420
tgccgctgga ggcccagag cttccagtaa aggtgaaccc gacgaagccc cggaggggcag480
cttcgagggt agcgtgctgc gcccggaagg cagcagtgcg gaactctgga ctgggattaa540
gaagggggccc ccacgcaaac tcaaattccc tgagcctcaa gaggtggtgg aagagttgaa600
gaagtacctg tcgtaggag atttgggtag aagccctcat gctgagcttt gtgtccctgg660
tgatgttgga acattaatga tggaaatgg ccaaacttca gtcattgatcc tgaagccatg720
gtttcttccc tgccagaaat gaaggttcag ttatgaggca accctctagt aaggcattgt780
aaaagttact ggatttggtt taataaaagt tgaataaaag taaaagaaaa aaaaaaaga840
gaaaaagaa aaagaaaaaa agaaagaaga aaaaagaaag gagaagcgag agaaaggag900
gccgcggggc ggcgcggc 918

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1146 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```

tcagtttagt ggcagggtgg ttttttaatt ttcttctgtg gctggatttt tgttgtttgt 60
ttaaataact cttctgggaa gttggtttat aagcctttgc caggtgtaac tgttgtagaa 120
taccacacac taaagttttt taagttccat attttctcca ttttgccctc ttatgtattt 180
tcaagattat tctgtgcact ttaaatttac ttaacttacc ataaatgcag tgtgactttt 240
cccacacact ggattgtgag gctcttaact tcttaaaagt ataatggcat cttgtgaatc 300
ctataagcag tctttatgtc tcttaacatt cacacctact ttttaaaaac aaatattatt 360
actattttta ttattgtttg tcctttataa attttcttaa agattaagaa aatttaagac 420
cccattgagt tactgtaatg caattcaact ttgagttatc ttttaaatat gtcttgata 480
gttcattatc atggctgaaa cttgaccaca ctattgctga ttgtatggtt ttcacctgga 540
caccgtgtag aatgcttgat tactgttact cttcttatgc taatagtctc tgggctggag 600
aaatgaaatc ctcaagccat caggatttgc tatttaagtg gcttgacaac tgggccacca 660
aagaacttga acttcacott ttaggatttg agctgtctg gaacacattg ctgcactttg 720
gaaagtcaaa atcaagtgcc agtggcgccc tttccataga gaatttgccc agctttgctt 780
taaaagatgt cttgtttttt atatacacat aatcaatagg tccaatctgc tctcaaggcc 840
ttggtcctgg tgggattcct tcaccaatta ctttaattaa aaatggctgc aactgtaaga 900
acccttgtct gatataattg caactatgct cccatttaca aatgtacctt ctaatgtcta 960
gttgccaggt tccaatgcaa aggtggcggt gactcccttt gtgtgggtgg ggtttggtgg 1020
tagtggtgaa ggaccgatat cagaaaaatg ccttcaagtg tactaattta ttaataaaca1080

```

ttagggtgttt gttaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaazag; ggtgggtggt attggttjta1140
ttggtt 1146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

gagtgagtga gtgtgttgca tcgaattaag gactcttgaa gagaagagag gtccattcag 60
ggttgtccag attgaagtga ggtctcacgg tgaaaagaaa aggaaaatat tcagactctc 120
ttgaaatcca aagagcaaga agtaaatgaa cttctgcaaa aattccagca agctcaggaa 180
gaacttgcaag aaatgaaaag atactctgag agctcttcaa aactggagga agataaagat 240
aaaaagataa atgagatgtc gaagggaagtc accaaattga aggaggcctt gaacagcctc 300
tcccagctct cctactcaac aagctcatcc aaaaggcaga gtcagcagct ggaggcgctg 360
cagcagcaag tcaaacagct ccagaaccag ctggcggaat gcaagaaaca acaccaggag 420
gtcatatcag tttacagaat gcatcttctg tatgctgtgc agggccagat ggatgaagat 480
gtccagaaag tactgaagca aatcettacc atgtgtaaaa accagtctca aaagaagtaa 540
agtggattcc ttggcaggac actgcccctt gtcactctgtc tttgtgttag atccagagtt 600
gtcggcagcc gctgccattg ttctcattcg tggatgcac tgtggcctag cgtagtctct 660
ccctttccaa aggtttctga ggacttctcc caggagaaga ctgcccgcct cagaactgct 720
tagagacttc aaaccagcag aggtgaaagt ccctgtcatc ccttcagatt ccagagctgg 780
gatcagccat gccagagagt ctggtcctga tgcgtgcagg ggggccccct cctccatccc 840
tgactggctg agtggcttta tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg 900
ctccttccat tcctgtactc gggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt 960
ggctttcaat tccaaaacat gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagtattga1020
agtatctgct taaaaccctt catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg1080
ttttcttccc atctgcctta tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga1140
gcactattaa ctataatatg aaacttaaaa acaaaaagcaa gttgtcctta aaagttcttt1200
ttttaagtaa attgttgaca tactgcaaat tttctatgca aacttgccctc ctgctgttat1260
ctgtgaagct caggaaatcc aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt1320
tacagccaaa agaaatgcct catagtctctt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc1380
tctgtaatat ttttattggc tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga1440
aattacagta gattatatta acaaaatact ttttaggtag ccattgcttga gactttttta1500
aaatataact ttttccttaa agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac1560
ctaatatgag ctgccaccaa caccctaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgtal620
gcgcatttct gaatctagca aatcctcctt ttaccctgtg aatgttttga atgccctgac1680
tctaccagcg ccataaatg atctctagaa ggactgttag taccaatctg tttttcaact1740
ttgaagctaa aaaccctgat atggtaatat tatggtgcat agcagaggctc tcggaaaaa1800
aatatttctg ttcactttac tttcaggtta aaaatgtttc taacacgctt gcaactttccc1860

```

```

ttatggcatt aatcttggtg agggagagag acagaatcct ggactctcca agtatttca1920
ctgaaagtag ggctgctct gacagggcc atgtccaca zggctgctt gcctcagtyg1930
gtgcttggt gtgctggatg atatgttgat ctgtattgga taaggaccaa tgacagcaaa2040
gcaaaaatgg ctttaaaagt tgggtgtact tttcttaagt tgtttaatta tagttaagca2100
atctcaaaaa tgctccaaag aaatgtgaaa ggaccttttg tcacagcact tcagaaaata2160
cacaacagcc cttctgccc ccgcacagaa atgctgcaga gtatataaaa cttgagacat2220
ttttgtagga tgctgacga ggtgtagcct tttatcttgt ttccggatgc atatttatta2280
cgagtactct ggttaaatat tgaaaagtta tatgctgtag tttttagtat tttgtctttg2340
taatttacag aagtatttgg agaaaataaa cttgtttcat tttgcaaaaa aaaaaaaaaa2400
atgaaaaa                                     2407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

ctcgtgcaac ccggcggtc ctgcagcgtt ggtcggctgt tgggtgtgga gtttcccagc .60
gccctcggg tccgaccctt tgagcgttct gctccggcgc cagctacctc gctcctcggc 120
gccatgacca caaccaccac cttcaaggga gtcgaccca acagcaggaa tagctcccga 180
gttttgcggc ctccagggtg tggatccaat ttttcattag gttttgatga accaacagaa 240
caacctgtga ggaagaacaa aatggcctct aatatctttg ggacacctga agaaaatcaa 300
gcttcttggg ccaagtcagc aggtgccaag tctagtgtg gcagggaaga cttggagtca 360
tctggactgc agagaaggaa ctcccttgaa gcaagctccg gagacttctt agatctgaag 420
ggagaagggtg atattcatga aaatgtggac acagacttgc caggcagcct ggggcagagt 480
gaagagaagc cgtgctctgc tgcgcctgtg occagcccgg tggccccggc cccagtgcc 540
tccagaagaa atccccctgg cggcaagtcc agcctcgtct tgggttagct ctgactgtcc 600
tgaacgtgtg cgttctgtct gtttcctcca tgcttgtaa ctgcacaact tgagcctgac 660
tgtacatctc ttggatttgt ttcatataaa agaagcactt tatgtactgc tgtctttttt 720
ttttttcttt tgaagaacag gtttctctct gtccttgact cttgggtctg tgggccatgg 780
catgagtgtt ttctagtagt agattggagg gaaagctttg tgacacttag tactgtgttt 840
ttaagaagaa ataatttggg tccagatgtg ttagaggatc ttttgtactg aggttttta 900
cactttactt ggtttacca agcctcaact ggacagacca taaacagtc acaggcaccg 960
ttcctgcoag gccccaaccc acagggagtc tctccgaga gccttcttg tgttgcccta 1020
acttgccagt ggcctttgct cagagcctcc tctgtgaca tgtgaacaa gaagaggcct 1080
gcgcctcctg ccttgccgcc tgcaaagcaa agaaactgcc ttttattttt taaccttaaa 1140
aagtagccag atagtacaa gactggctgg ctgatgagca aagcctttgc tctcacgcag 1200
aggaaggctt ggatgtacaa tgaaactgcc tggaaactaa agcagtgaag caaggaggc 1260
aatcacactg aagcggtct tctccagga acgggtccc acaggcgtgt tgttttaaat 1320
aacctgatgc tgtgtgcatg atgctggtgc ttgaccatga aaggaaagtc tcatccttaa 1380

```

```

ttatggcatt aatcttgttg agggagagag acagaatcct ggactctcca aagtatttca 1920
ctgaaagtag ggctgtctct gacagggccccc atgtccaca aggcgtctty gcctcagtyg 1930
gtgcttggtc gtgctggatg atatgttgat ctgtattgga taaggaccaa tgacagcaaa 2040
gcaaaaatgg ctttaaagct tgggtgttact tttcttaagt tgtttaatta tagttaagca 2100
atctcaaaaa tgcctcaaaag aaatgtgaaa ggaccttttg tcacagcact tcagaaaata 2160
cacaacagcc ccttctgccc ccgcacagaa atgctgcaga gtatataaaa cttgagacat 2220
ttttgtagga tgcctgacga ggtgtagcct tttatcttgt ttccggatgc atatttatta 2280
cgagtactct ggttaaataat tgaaaagtta tatgctgtag ttttttagtat tttgtctttg 2340
taatttacag aagttattgg agaaaataaa cttgtttcat tttgcaaaaa aaaaaaaaaa 2400
atgaaaaa
2407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1471 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

ctcgtgcaac ccggcggctc ctgcagcggg ggtcggctgt tgggtgtgga gtttccagc 60
gcccctcggg tccgaccctt tgagcgttct gctccggcgc cagctacctc gctcctcggc 120
gccatgacca caaccaccac cttcaaggga gtcgacccca acagcaggaa tagctcccga 180
gttttgcggc ctccagggtg tggatcfaat ttttcattag gttttgatga accaacagaa 240
caacctgtga ggaagaacaa aatggcctct aatatctttg ggacacctga agaaaatcaa 300
gcttcttggg ccaagtcagc aggtgccaag tctagtgttg gcagggaaga cttggagtca 360
tctggactgc agagaaggaa ctccctctgaa gcaagctccg gagacttctt agatctgaag 420
ggagaagggtg atattcatga aaatgtggac acagacttgc caggcagcct ggggcagagt 480
gaagagaagc ccgtgcctgc tgcgcctgtg cccagcccgg tggccccggc cccagtgcc 540
tccagaagaa atccccctgg cggcaagtcc agcctcgtct tgggttagct ctgactgtcc 600
tgaacgctgt cgttctgtct gtttcttcca tgcttgtgaa ctgcacaact tgagcctgac 660
tgtacatctc ttggatttgb ttcattaaaa agaagcactt tatgtactgc tgtctttttt 720
ttttttcttt tgaagaacag gtttctctct gtccttgact cttgggtctg tgggccatgg 780
catgagtgtt ttctagtagt agattggagg gaaagctttg tgacacttag tactgtgttt 840
ttaagaagaa ataatttggg tccagatgtg ttagaggatc ttttgtactg aggtttttta 900
cactttactt gggtttacca agcctcaact ggacagacca taaacagtc acaggcaccg 960
ttcctgccag gccccaacc acaggagtc tctccgaga gccttcttgg tgttgcccta 1020
acttgccagt ggcttttgc tccgtgtgac tctgtgaca tgtgaacaa gaagaggcct 1080
gcgcctcctg ccttgccgcc tgcaaaagca agaaactgcc ttttattttt taaccttaaa 1140
aagtagccag atagtaacaa gactggctgg ctgatgagca aagcctttgc tctcacgcag 1200
aggaaggctt ggtgtgacaa tgaaactgcc tggaaactaa agcagtgaag caagggaggc 1260
aatcacactg aagcgggtct tctccagga acggggtccc acaggcgtgt tgttttaaat 1320
aacctgatgc tgtgtgcatg atgctggtgc ttgacctga aaggaaagtc tcatccttaa 1380

```

aatgtgttgt acttcacaat cctggactgt tgcttcaagt aaacatatc cacattttga1440
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1732 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
gcagaaccta cgctgacgg gcccgggcggc ggctgagccg cgctgacgag cgacgcggga 60
atgaagcggg cgctgggcag gcgaaagggc gtgtggttgc gcctgaggaa gatacttttc 120
tgtgttttgg ggttgtagat tgccattcca ttctcatca aactatgtcc tggaatacag 180
gccaaactga ttttcttgaa tttcgtaaga gtccctatt tcattgattt gaaaaacca 240
caggatcaag gtttgaatca cacgtgtaac tactacctgc agccagagga agacgtgacc 300
attggagtct ggcacaccgt cctgacagtc tgggtggaaga acgccaagg caaagaccag 360
atgtggtatg aggatgcctt ggcttcacag caccctatca ttctgtacct gcatgggaac 420
gcaggtaacca gaggaggcga ccacgcgctg gagctttaca aggtgctgag ttcccttggg 480
taccatgtgg tcaccttga ctacagaggt tggggtgact cagtgggaac gccatctgag 540
cggggcatga cctatgacgc actccacgtt tttgactgga tcaaagcaag aagtgggtgac 600
aaccocgtgt acatctgggg ccactctctg ggactggcg tggcgacaaa tctggtgagg 660
cgctctgtg agcgagagac gcctccagat gcccttatat tggaatctcc attcactaat 720
atccgtgaag aagctaagag ccattccatt tcagtatat atcgatactt ccctgggttt 780
gactgggtct tccttgatcc tattacaagt agtgaatta aatttgcaaa tgatgaaaac 840
gtgaagcaca tctcctgtcc cctgtctatc ctgcacgtg aggacgacc ggtggtgcc 900
ttccagcttg gcagaaagct ctatagcatc gccgaccag ctggaagctt ccgagatttc 960
aaagttcagt ttgtgccctt tcattcagac cttggctaca ggcacaaata catttacaag 1020
agccctgagc tgccacggat actgagggaa ttctgggga agtcggagcc tgagcaccag 1080
cactgagcct ggccgtggga aggaagcatg aagacctctg ccctcctccc gtttctctcc 1140
agtcagcagc ccggtatcct gaagccccgg ggggcccggc cctgcaatgc tcaggagccc 1200
agctgcacc tggagagcac ctcatatccc aggcggggag gccctgagc gcctgcagt 1260
cccggaggcc tgagcatggc tgtgtggaag gcgtgggtgg caggcatgtg gctctccttg 1320
ccgcccctca acctgagatc ttgttggggg acttaattgg agcaggcagc catcactgcc 1380
tggttgatgc tgactgagc tggacagggg gactccgggc aggggactct tggggctcgg 1440
gacctgctg agctttttgg caccacccac agagaacgtg gggctcagg tctttctgca 1500
ccttcccagc acatgcagaa tgactccagt ggttccatcg tcccctcctg ccctgtgtac 1560
ctgcttgcc ttctcagctg cccacacctc cctgggctgg ccactcacc cacagtggaa 1620
gtgcccggga tctgcacttc ctccccttcc acctacctgt acacctaac tggccttaga 1680
ctgagcttta ttaagaata aaatcgtggt ggtggtcaaa aagacactct gc 1732
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

cggtctgagc gtgatcgctg actcagctga ccctgoggga ccggaaaaag aaattcccgg 60
gccctggctt cttggcgcca tgaggttccg gttctgtggt gatctggact gtcccactg120
ggctcctggca gaaatcagca cgctggccaa gatgtcctct gtgaagttgc ggctgctctg180
caccaggtac taaaggagct gctgggacag gggattgatt atgagaagat cctgaagctc240
acggctgacg ccaagtttga gtcaggcgat gtgaaggcca cagtggcagt gctgagtttc300
atcctctcca gtgcggccaa gcacagtgtc gatggcgaat ccttgtccag tgaactgcag360
cagctggggc tgcccaaaga gcacgcggcc agcctgtgcc gctgttatga ggagaagcaa420
agcccccttc agaagcactt gcggtctctc agcctacgca tgaataggtt ggcaggtgtg480
ggctggcggg tggactacac cctgagctgc agcctgtgc aatccgtgga agagcccatg540
gtgcacctgc ggctggaggt ggcagctgcc ccagggaccc cagcccagcc tgttgccatg600
tccctctcag cagacaagtt ccaggtcttc ctggcagaac tgaagcaggc ccagaccctg660
atgagctccc tgggctgagg agaaggtgt tccaggcctg tgtggagccg ccctgcccgt720
atggagtca cccctctgaa ctgctcttcg ggaggcagcc ctggttctag gatgctgagg780
ccctggcccc gactctggcc tcccagatcc ccagctgcct cacttctctc ttgagaactt840
ggctcagggc tcctgaggac cttcccagc attaccttc cttccctga aaggcaattg900
ttggctgttt tcataagcag gaaaaataaa cagaagtata aaagagaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
989

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 150 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

attttatgaa gttgaaaaat agctcacttt aaagctagtt ttgaagacgt gcagctgtga 60
cttgggtctg gttgggggtg ttgtgttttg agtcagccgt tttcactccc actgaggttg120
tcagaacatg cagattgctt cgattttctc                                     150

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

cgaggacogg ccttgcgagc ggcgacgact ataaaatggc gcgtgctgca acccgcgccc 60
gcttcggaga gagaaatgct ggggtgcagc ttcaagctta ggaccacca ccatgcctat 120
ccaggtgctg aagggcctga ccatcactca ttaagaacag aggaggctgc ctgttactcc 180
tggtgttgca tccctccaga cactctgctg tttcctgcct aggcgtggct gcagccatgg 240
ctaggaaagc gctgccaccc acccacctgg gccagagctg gttctgctcc tgctgcaggg 300
acactgagct ggctatctcg gcgcttcggg caagaactgc aacaggctct cctgggtcct 360
gcaggtgtac agccggggccc ctgccttgct cctcagctct cgagagctgc tgctgccggg 420
tgacctgata caacctgata aggtgccatc ttcagctacc actgcaaggc cctgagggca 480
acagcagcac ggcactgccc acccggtctg tgatggcctg gtgccagctg ggagtcctcc 540
cggcacttcg aggccactga gccacccttc cagccccagc ccaccatgga caggggtatc 600
cagcttcctc ctcaacctcg tcctctgccc ctgagccagt gacgccaag gacatgcctg 660
ttaccacagg cctgtaccag cactagctgg tcaaggcat gacagtgctg gaggccgtct 720
tggagatcca ggccatcact ggcagcaggg tgctctccat ggtgccaggg cccgccaggc 780
caccaggctc atgctgggac ccaaccagtc gcacaaggac ttggctgctg agccacacac 840

```

DE 198 18 619 A 1

```
ccaggagaag gtggataagt gggctaccaa gggcttcttg caggctaggg gagggagccac 900
ccccgcttcc ctattgtgac caggcctatg gggaggagct gtccatagc cacagtga 960
cctgggcctg gctctcaagg acagacaccg cctggcctgg tgctccaggg gtgaagcagg1020
ccagaatcct gggggagctg ctctctggtt gagctgcatt caggaagtgc gggacatggt1080
aggggaggca aaaagccttg ggcactacc tccctgtgga gctgttcggt gtccgtcgag1140
ctagccacac cctgacacca tgttcaaggg taccggaaga gaagggtgtc tgccccaac1200
ctccccctgtg ggtgtcactg gccagatgtc atgagggaag caggccttgt gagtggacac1260
tgaccatgag tccttggggg gagtgatccc ccaggcatcg tgtgccatgt tgcacttctg1320
cccaggcagc aggggtgggtg ggtaccatgg gtgcccaccc ctccaccaca tggggcccca1380
aagcactgca ggccaagcag ggcaacccca cacccttgac ataaaagcat cttgaagctt1440
ttaaaaaaaa aaaaaaaa aaaataa 1467
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 895 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

```
ctcgagccgc tcgagaacct cacttcctta ctctccaaa aagaagtggg gaaagaacca 60
tcaaaccttt cctctgact taccaaacca ggaaaacagc aggagagggg ggctcaggac120
ttagggacag ggtatagctt agatggtgga aagcaaagga gagcaggaag ttgtaaatca180
ctggctaagt agaaaaggag acagctaact ctaggatgaa gctgtgacta ggctggagtt240
gcttccttga agatgggact ccttgggtat caagacctat gccacatcac actggggcta300
gggaagtagg tgatgccagc cctcaagtct gtcttcagcc agggacttga gaagttatat360
tgggcagtgg ctccaatctg tggaccagta tttagcttt ccctgaagat caggcagggt420
gccattcatt gtctttctct cctagccccc tcaggaaaga aggactatat ttgtactgta480
ccctaggggt tctggaaggg aaaacatgga atcaggattc tatagactga taggccctat540
ccacaagggc catgactggg aaaaggatg ggagcagaag gagaattggg attttagggg600
gcagtacgct caccctaaac ttttggtggc ctggggcatg tcttgaggcc cagactgtta660
agcaggctct gctggcctgt ttactcgtca ccacctctgc acctgctgtc ttgagactcc720
atccagcccc aggcacgcca cctgctcctg agcctccact atctccctgt gacgggtgaa780
cttcgtgtac tgtgtctcgg gtccatatat gaattgtgag cagggttcac ctattttaaa840
cacagatggt tacaaaataa agattatttc aaaccaaaaa gaaaaaaaaa aaaaa 895
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

accagcagc cctcgcgcg tccggcacag cggacaccag gactccaaaa tggcgtcagt 60
tgtaccagt aaggacaaga aacttctgga ggtcaaactg ggggagctgc caagctggat120
cttgatgagg gacttcagtc ctatgtggcat ttccggagcg tttcaaagag gttactaccg180
gtactacaac aagtacatca atgtgaagaa ggggagcatc tcggggatta ccatgggtgct240
ggcatgctac gtgctcttta gctactcctt ttctacaag catctcaagc acgagcggct300
ccgcaaatac cactgaagag gacacactct gcaccccccc accccacgac cttggcccga360
gccctccgt gaggaacaca atctcaatcg ttgctgaatc ctttcatatc ctaataggaa420
ttaacctcca aataaaacat gactggtacg tgtaaaaaaa aaaaaaa 467
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 511 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

DE 198 18 619 A 1

```

actagttcta gatcgcgagc ggccgccctt tttgttcaaa gtctattttt attctctttt 60
tctttttttt ttttttgtgg atggggactt gtgaattttt ctaaagggtgc tatttaacat120
gggaggagag cgtgtgcggc tccagccag cccgctgctc actttccacc ctctctccac180
ctgcctctgg cttctcaggc ctctgctctc cgacctctct cctctgaaac cctcctccac240
agctgcagcc catcctcccg ggcgcctcct agtctgtcct gcgtcctctg tccccgggtt300
tcagagacaa cttcccaaag cacaagcag tttttccccc taggggtggg aggaagcaaa360
agactctgta cctattttgt atgtgtataa taatttgaga tgtttttaat tattttgatt420
gctggaataa agcatgtgga aatgaccca aacataaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa480
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
511

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

tctccaccct ccccttccct ctttcttttt ccccttcttg cacgtggatc actcaggcct 60
cagaatgagg ctgctttatt ggaagctatt ctgacatcac tttccagact gtctcactgt 120
cttgggacca ggcattggag gcaggggtgg gaattctctt gtgattgtgg gtgggtggctg 180
gaggagtgga gtggtgggag gcggtcagc cgcgggcact cctgcgactg gcggatgcgg 240
tccggatgga ataagccttc aggagcccag gaccgcact gctggagaag ctccagggcat 300
tgctgcccat ggttcccccg agggtcagcc caatgccacc gccactgcta ctgccaccag 360
tggaattcat cacagagata ttcacggctc ccaactccatc tccagccaac cggctctcct 420
cgccctccag cagcttgccg taggtggcga tctcgatgtc cagggccagc ttcacgctca 480
tgagttcctg gtactcaagc agctgccgtg ccatatcctg cttggcccgc tgcaggggcg 540
cttccagctc ctctgtcttg gcacgagcat ccttgagcgc cagctcccca cgctcctcag 600
cctcggaat ggcgccctcc aacttggcac gctgggttctt gatgttgcg atctcagcct 660
gcagcctctg gatggcccgg ttcattctctg aaatctcatt ccgggtattc cggagggtcgt 720
ccccatgctt cccagcctgg gcctggaggg tctcaaaactt ggtctgttac caggcttcag 780
cctcagcccg gctgcatttg gccatctcct catactgcgc cttgacctca gcgatgatgc 840
cgtccaggtc cagggagcga ctggtgtcca tggacagcac cacagatgtg tcggagatct 900
gggactgcag cctgtcaac tccgtctcat tgagggtcct gaggaagtgt atctcatcat 960
tcagggcac cacttggcc tccagctcca ctttgctcat gtaggcagca tccacatcct1020
tcttcagcac cacaactca ttctcagcag ctgtgcccgc gtttaatttca tcttcgtact1080
tattcttgaa gtcctccacc acatcctgcc atctccgcag ctccgcctcc aggcggcccc1140
catccacctg cagtgcctca agctgacccc gaaggccagc aatctgggcc tcaaagatgt1200
ctgggaggcg gctgctcttg gccgacttct gctcctgcag cagcgtccac ttggtctcca1260

```

```

gcagcttgtt ctgctgctcc agaaaccgca ccttytcgat gaaguaggca aacttyttyt1320
tgaggggtctt gatctgctcg ctctcctcct ggcgaccgct ctggaggag gggtcggcgt1380
ccagccgcag cggggccagc aggtcttggt taatggtag ctccggatg ccggcgccca1440
5 ccggggcccc ataggcagag cgcacggcca cgcgcgccg tgaggcgccg aggcctagat1500
ggctgctgct gccaaaggcc cgggggagc cggagctcag gcgcacctg gcgcggcg1560
ccgagaaggc ggctgagcgc gagtggaata ccggggagct gaagtggatg gacatgggtg1620
ctggggccggg atggacctag cggcgggcga ggaggagcgc gcactcgctg acctcgggga1680
cactccgcac cttttatccg cgggagccgg tgctgggctt ccacaggtag gggcggggct1740
10 ggccgcgggc accgtttctc tgctgccagg cccctcctgc gcgtccgtcc gccctctgcc1800
cgcccccccc gccgaagccc aggttttcag tccaagcagg gatgggtccg agtaggcagg1860
agcgccatcc ctgacggcc gcagagaaca gcgggggac 1899

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 758 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

45 cggctcgagc ggctcgagg gcaagaagaa catcacgtgc tgtgacaccg acttgtgcaa 60
cgccagcggg gcccatgccc tgcagccggc tgccgccatc ctgctgctgc tccctgcact120
cggcctgctg ctctggggac cgggccagct ataggctctg gggggccccg ctgcagccca180
50 cactgggtgt ggtgccccag gcctctgtgc cactcctcac agacctggcc cagtgggagc240
ctgtcctggt tcttgaggca catcctaacg caagtctgac catgtatgtc tgcaccctg300
tgccccaccc tgacctccc atggccctct ccaggactcc caccggcag atcagctcta360
gtgacacaga tccgctgca gatggccct ccaaccctct ctgctgctgt ttccatggcc420
cagcattctc cacccttaac cctgtgctca ggcacctctt cccccaggaa gccttccctg480
55 cccaccccat ctatgacttg agccaggtct ggtccgtggt gtcccccgca ccagcagg540
gacaggcact caggagggcc cagtaaaggc tgagatgaag tggactgagt agaactggag600
gacaagagtc gacgtgagtt cctgggagtc tccagagatg gggcctggag gcctggagga660
aggggccagg cctcacattc gtggggctcc ctgaatggca gcctgagcac agcgtaggcc720
60 cttataaac acctgttga taagccaaaa aaaaaaa 758

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```
cggtctgacg gtctcgagat caagcatgaa ttgcaagcaa actgctacga ggaggtcaag 60
gaccgctgca ccctggcaga gaagctgggg ggcagtgcg tcattctccct ggagggcaag120
cctttgtgag cccctttctg cgcccccttg cctgggagca tctgggcagg cccaacacc180
ttgccctttg ggggtttgca gggctgccc cctttcctgg ccagaaccgg gagggggctg240
gggggggatt cccaggcagg gggggagggg ccaattccct tttaacccc caggttgggc300
ca                                     302
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 824 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```
ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg 60
caagaagcgg gtctgtttct ttacttcttc caaggagtcg gcacactatg gctgccctg120
```

DE 198 18 619 A 1

```

5 ggctcccaga acccacaaca tgaagaagaat ggtgacccc agctcaagnc tgggcatttg180
aatccggaca caaaaccctc tagcttgga atgattatgc tgcactttac aaccactgca240
ctacctgact caggaatcgg ctctggaagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagcc300
caacatcaaaa gacaccatcg gaacagcagc gcccgcagca cccaccccgc accggcgact360
ccatcttcat ggccaccccc tgcggcgagc ggttgaccac cagccaccac atcatcccag420
agctgagctc ctccagcggg atgacgcgt cccaccacc tccctcttct tctttttcat480
ccttctgtct cttgttttct gagctttcct gtctttcctt ttttctgaga gattcaaagc540
ctccacgact ctgtttcccc cgtcccttct gaatttaatt tgcactaagt catttgact600
10 ggttgagatt gtggagacgg ccttgagtct cagtacaggt gtgcgtgagt gtgagccacc660
ttggcaagtg cctgtgcagg gcccggccgc cctccatctg ggccgggtga ctggggcgcc720
ggctgtgtgc ccgaaggcct cacctggcc cttcggcctt agtctggga ggttccgaac780
cgaacatcaa gggaggcaag cctttcaagg catttcatt aatt 824
15

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2190 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 25 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - 40 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

50 tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttcatgact tttaatgctt 60
tattgggatt gcaagcgta caaggttaa gacaaaacc aagcatggga ttttgccgga 120
aatattagcg ttaaaggagc tgagttgagt caaacacggg ccgcaagggt gaccgaggcg 180
gcaggcacag gtgacattca gtgtttggcg tgggggtctt caggtgatgg cagaggaggg 240
gacccaagag ggggcccccc actgaagaca ttggggacac ggggaggaga caagatggag 300
55 agccacgact aggcacggag gtcagacagg cagcccgggc caggtatggt agtggcccag 360
gggagagctg caaacctggg gacgcaaggg gctggtcggc aagtgcctcc gggaaacacc 420
actccggcga ggcagaatat aacactgggt ggggtgggtg cctgacgaat gggcaggtaa 480
tttgggggtc ctggaagcgt tttggatctc aggccaatgt gggttccaca attgtgacaa 540
tttggctctt tgggcttctg tccaatgttc cgaatggccc actcacagg cgcttgccga 600
60 gggacccctt gcgacgctcg agctcgagcc gaaatgaggg aacccccaaa tttcatgtca 660
attgatctat tccccctctt tgtttcttgg ggcagttttt tttttacccc tccttagctt 720
tatgogctca gaaacaaat taaaccccc ccccatgtaa caggggggca gtgacaaaag 780
caagaacgca cgaagccagc ctggagacca ccacgtcctg ccccccgcca tttatcgccc 840
tgattggatt ttgtttttca tctgtccctg ttgcttgggt tgagttgagg gtggagcctc 900
65 ctggggggca ctggccactg agccccttg gagaagtcag aggggagtg agaaggccac 960
tgtccggcct ggcttctggg gacagtggct ggtccccaga agtcctgagg gcggaggggg 1020
gggttgggca ggtctcctc aggtgtcagg aggtgtctcg gaggccacag gagggggctc 1080
ctggctggcc tgaggctggc cggaggggaa ggggctagca ggtgtgtaaa cagagggttc 1140

```

```

catcaggctg gggcagggtg gccgccttcc gcacacttga ggaaacctcc cctctccctc120
ggtgacatct tgcccgcccc tcagcaccct gcctgtctct caggagggtcc gaagctctgt1260
gggacctctt gggggcaagg tggggtgagg ccggggagta gggagggtcag gcgggtctga1320
gcccacagag caggagagct gccagggtctg cccatcgacc aggttgcttg ggccccggag1380
cccacgggtc tggatgatgc atagcagcca ccacgcggc cctaggggct gcggcaggga1440
ctcggcctct gggaggttta cctcgcccc acttggtgcc ccagctcagc cccctgcac1500
gcagcccgac tagcagtcta gaggcctgag gcttctgggt cctgggtgacg gggctggcat1560
gaccccgggg gtcgtccatg ccagtcggcc tcagtcgacg agggtccttc ggcaagcgcc1620
ctgtgagtg ggcattcgga acattggaca gaagcccaaa gagccaaatt gtcacaattg1680
tggaacccac attggcctga gatccaaaac gcttcgaggc accccaaatt acctgcccatt1740
tcgtcaggac acccaccac ccagtggtat attctgcctc gccggagtgg gtgttcccgg1800
gggcacttgc cgaccagccc cttgcgtccc caggtttgca gctctccctt gggccactaa1860
ccatcctggc ccgggctgcc tgtctgacct ccgtgcctag tcgtggctct ccatcttctc1920
tcttccccgt gtccccaatg tcttcagtgg ggggccccct cttgggtccc ctctctgcc1980
atcacctgaa gacccccacg ccaaactg aatgtcacct gtgcctgccg cctcggtcca2040
ccttgcggcc cgtgtttgac tcaactcagc tctttaacg ctaatatttc cggcaaaatc2100
ccatgcttgg gttttgtctt taacctgtta acgcttgcaa tcccaataaa gcattaaaag2160
tcatgaaatt caaaaaaaaa aaaaaaaaaa
2190

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2565 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

ctccccacc tgtggccgc aagccgtctg tgggagtcgc ggaccccgcc tccccagtt 60
accctcgagc tgagccctt actgctcctc ccaccaatgg gctccctcac acccaggaca 120
ggactaagag ggagctggcg gagaatggag gtgtcctgca gctgggtggc ccagaggaga 180
agatgggcct ccggggtca gactcacaga aagagctggc ctgaccacca ggcacctcac 240
tggcactgct gacccatccc agaaacacaa tctcaggagc ccgagcagct ccaaggacga 300
gaggatacag cagacacaac ctaatagaga gggcgccctgc agccttaacc tccacggcct 360
tcgatactta tgcaagcctg gtgttgctcc tgtcctcaga gtcactctgc gctcatgctc 420
tttcccgaaat gggttcacct ctggcagttg ccgcttcagt cttggcctta gctcatctt 480
gaagtgggta gctggcgga gagggtggct gcgccccctg ctggccctga ggctgcagag 540
ttgggagcag gacacctcac ctgagtttca ttttttttca tgtccaaacc atgcacatac 600
tatagtccag aatcaaagca cttttgaaaa gtggctgcat ggccatcctc cagggccccag 660
gaagttgcat tccaagggcg tgtttacatg ccagcagaat ccatccccgg cagtcagccc 720
atagcttggg accagtctgt gccctcctgc ccagtcagct ttactcctct tggttcctga 780
aggtggccaa gtcatttgtt tcccacaggc ttctctaggc tgggggcagg tgtggggctg 840

```



```

acagcctcag aagctattat gcaagctggt accagcagaa gccaggagag gccctgtac240
ttgtcatcta tggtaaaaac aaccggccct caggcatccc agacagattc tctggcaca300
gctcaggaaa cacagcttcc ttgacctca ctggggctca ggcggaagat gaggctgact360
attacttgta aactccccgg gacagcaagt gggtaaccaa tgtgggtatt ccggcgagg420
ggaccaaacg ttgaccggtt ctttaaggta gcccaaaggg c 461

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 2096 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

atcccggtca cttttggtta caggacgtgg cagctggttg gacgagggga gctggtgggc 60
agggtttgat cccagggcct gggcaacgga ggtgtagctg gcagcagcgg gcaggtgagg 120
accccatctg ccgggcaggt gagtcccttc cctccccagg cctcgtctcc ccagccttct 180
gaaagaagga ggtttagggg atcgagggct ggccggggaga agcagacacc ctccagcag 240
aggggcagga tgggggcagg agagttagca aaggtgacat cttctcgggg ggagccgaga 300
ctgcgcaagg ctgggggggt atgggcccgt tccaggcaga aagagcaaga ggcagggag 360
ggagcacagg ggtggccagc gtagggtcca gcacgtgggg tggtagccca ggcctgggtc 420
agacagggac atggcagggg acacaggaca gaggggtccc cagctgccac ctacccacc 480
gcaattcatt tagtagcagg cacaggggca gctccggcac ggctttctca ggcctatgcc 540
ggagcctcga gggctggaga gcgggaagac aggcagtgtc cggggagttg cagcaggacg 600
tcaccaggag ggcgaaccgg cacgggaggg gggccccggg acattgcgca caaaggaggc 660
tgcaggggct cggcctgcgg gcgccgttcc caccagggcac tgcggcccag ggtctggtgc 720
ggagagggcc cacagtggac ttggtgacgc tgtatgccct caccgtcag cccctggggc 780
tggcttggca gacagtacag catccagggg agtcaagggc atggggcgag accagactag 840
gcgagggcgg cggggcgagg tgaatgagct ctcaggaggg aggatggtgc aggcaggggt 900
gaggagcgca gggggcgggc agcgggaggg actggcctcc agagcccggt gccaaaggcg 960
gcctcgcggg cggcgacgga gccgggatcg gtgcctcagc gttcgggctg gagacgaggc 1020
caggtctcca gctggggtgg acgtgccac cagctgccga aggcaagacg ccaggtccgg 1080
tggacgtgac aagcaggaca tgacatggtc cgggtgtgac gcgaggacag aggagggcgg 1140
tccggccttc ctgaacacct taggctggtg gggctgcggc aagaagcggg tctgtttctt 1200
tacttcttcc acggagtccg cacactatgg ctgcctctgt ggctcccaga acccacaaca 1260
tgaaagaaat ggtgctaccc agtcaagcc tgggcctttg aatccggaca caaaaccttc 1320
tagcttggaa atgaatatgc tgcactttac aaccactgca ctacctgact caggaatcgg 1380
ctctggaagg tgaagctaga ggaaccagac ctcatcagcc caacatcaaa gacaccatcg 1440
gaacagcagc gcccgagca cccaccccg cccggcgact ccatcttcat ggccaccccc 1500
tgcgggcgga ggttgaccac cagccaccac atcatcccag agctgagctc ctccagcggg 1560
atgacgccgt cccaccacc tccctcttct tctttttcat cttctgtct ctttgtttct 1620
gagctttctt gtcttttctt ttttctgaga gattcaaagc ctccacgact ctgtttcccc 1680

```

40

45

50

55

60

65

5 cgtcccttct gaatttaatt tgcactaagt catttgcact ggttgcagtt gtggagacgg1740
 ccttgagtct cagtacgagt gtgcgtgagt gtgagccacc ttggcaagtg cctgtgcaggi1800
 gcccgccgc cctccatctg ggccgggtga ctgggcccgc gctgtgtgcc cgaggcctca1860
 ccttgccctc gcctagtctg gaagctccga ccgacatcac ggagcagcct tcaagcattc1920
 cattacgccc catctcgctc tgtgcccctc cccaccaggg cttcagcagg agccctggac1980
 tcatcatcaa taaacactgt tacagcaaaa aaaaaaaaga aaaaaaaag aaaagaaaaa2040
 aaagaaaaag aaaaggaaaa aaagagaggg aggaagaagg agaaaaggga gtgtgg 2096

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1348 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

45 ctctcgcgag gccccagaga gcaggcgctg ggcagtgtgg aggtcgttgg agtcaattcc 60
 gcgtcaccag ctctgtgcc tgccagtggg tgcctctccc gctccagcca tgcctctcgc 120
 cctcgcccg cctgccagcg ctgctctccg ccgcagcttc agcacctcgg cccagaacaa 180
 tgctaaagta gctgtgctag gggcctctgg aggcacggg cagccacttt cacttctcct 240
 gaagaacagc cccttggtga gccgcctgac cctctatgat atcgcgaca caccggagt 300
 50 ggccgcagat ctgagccaca tcgagaccaa agccgctgtg aaaggctacc tcggacctga 360
 acagctgcct gactgcctga aagggtgtga tgtggtagtt attccggctg gagtccccag 420
 aaagccaggc atgaccggg acgacctgtt caacaccaat gccacgattg tggccaccct 480
 gaccgctgcc tgtgccagc actgccggga agccatgac tgcgtcattg ccaatccggt 540
 taattccacc atccccatca cagcagaagt ttccaagaag catggagtgt acaaccccaa 600
 55 caaaatcttc ggcgtgacga ccctggacat cgtcagagcc aacacctttg ttgcagagct 660
 gaaggggttt gatccagctc gactcaacgt ccctgtcatt ggtggccatg ctgggaagac 720
 catcatcccc ctgatctctc agtgacccc caaggtggac tttccccagg accagctgac 780
 agcactcact gggcgatcc aggagggcgg cacggagggt gtcaaggcta aagccggagc 840
 60 aggcctctgcc accctctcca tggcgatgac cggcgccgc tttgtcttct cccttgtgga 900
 tgcaatgaat ggaaaggaag gtgttgtgga atgttccttc gtttaagtcac aggaaacgga 960
 atgtacctac ttctccacac cgctgtgctg tgggaaaaag ggcacgcaga agaacctggg1020
 catcggaaca gtctcctctt ttgaggagaa gatgatctcg gatgccatcc ccgagctgaa1080
 ggcctccatc aagaaggggg aagatttctg gaagaccctg aagtgagccg ctgtgacggg1140
 65 tggccagttt ccttaattta tgaaggcatc atgtcactgc aaagccgttg cagataaact1200
 ttgtatttta atttgctttg gtgatgatta ctgtattgac atcatcatgc cttccaaatt1260
 gtgggtggct ctgtgggcgc atcaataaaa gccgtccttg attttaaaaa aaaaaaaaaa1320
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1348

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 358 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

aatgggggac cggagaagaa gtacaagagc acgggtcagg ggcgggactc cgacggctcc 60
ttcttccctc acagcaggct aaccgtggac aagagcaggt ggcaggaggg gaatgtcttc120
tcatgctccg tgatgcatga ggctctgcac aaccactaca cgcagaagag cctctccctg180
tctccgggta aatgagtgcg acggccggca agcccccgct ccccgggctc tcgcggtcgc240
acgaggatgc ttggcacgta ccccggtgtac atacttccca ggcacccagc atggaaataa300
agcaccacgc gctgcctcgg ggcccctgcg aaaaaaaga aaaagaatcg aaaagggg 358

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 89 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

gcccctagcc cctggcagac atagctgctt cagtgccctt tttcctctgc tggctagatg60
 gatgttgatg cactggaggt acttttagc 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1632 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gacactgggtt ggttctgata agaggcaggg gaggagaaag ccgaggaaga gggagttgcg 60
 gaagaggagg gaggtaacaa gttctcttat ccaccatcac accgggagtg ttgtccagcc 120
 gtggaggagg aggacgatga agaagctgta aagaaagaag ctcacagaac ctctacttct 180
 gccttgctct caggatccaa gccagcact tgggtgtctt gccagggga ggaagagaat 240
 caagccacgg aggataaaaag aacagaaaaga agtaaaaggag ccaggaagac ctccgtgtcc 300
 ccccgatctt caggctccga ccccaggtcc tgggagtatc gttcaggaga ggcgtccgag 360
 gagaaggagg aaaaggcaca caaagaaact gggaaaggag aagctgcccc agggccgcaa 420
 tcctcagccc cagcccagag gccccagctc aagtcctggt ggtgccaaac cagtgatgaa 480
 gaggagggtg aggtcaaggc ttggggggca gctgagaagg atggagaagc tgagtgtcct 540
 ccctgcatcc cccaccaaaag tgcttctctg aaggcctggg tgtattggcc aggagaggac 600
 acagaggaag aggaagatga ggaagaagat gaggacagtg actctggatc agatgaggaa 660
 gagggagaag ctgaggcttc ctcttccact cctgctacag gtgtcttctt gaagtcctgg 720
 gtctatcagc caggagagga cacacagtga tacaggatca gccgaggatg aaagagaagc 780
 tgagacttct gcttccacac cccttgcaag tgcttctctg aaggcctggg tgtatcgcc 840
 aggagaggac actggatagt gaggataagg aagatgattc agaagcagcc ttaggagaag 900
 ctgagtcaga cccacatccc tcccaccgg accagagggc ccacttcagg ggctggggat 960
 atcgacctgg aaaagagaca gaggaagagg aagctgctga ggactgggga gaagctgagc1020
 cctgccccct cagagtggcc atctatgtac ctggagagaa gccaccgcct ccctgggctc1080
 ctcttaggct gccctccga ctgcaaaggc ggctcaagcg cccagaaacc cctactcatg1140
 atccggacc tgagactccc cttaaaggcca gaaaggtgcg cttctccgag aaggctcactg1200
 tccatttctt ggtgtctgg gcagggccgg cccaggccgc ccgcccaggg ccctgggagc1260
 agcttgctcg ggatgcgagc cgcttcgcac gccgcacac ccaggcccag gaggagctga1320
 gccctgcct caccctgct gccgggcca gagcctgggc acgcctcagg aaccacctt1380
 tagcccccac ccttgcctc acccagacct tgccttctc ctctgtccct tcgtccccag1440
 tccagaccac gcccttgagc caagctgtgg ccacacctc ccgtcgtct gctgtgcag1500
 cggctgccc tggacctcagt gggaggcgtg gctgagacca actggtttgc ctataattta1560

ttactatattt attttttcta agtgtgggtt tatataagga ataaagcctt ttgatttga1620
acgaaaaaaaa aa 1632

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2972 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

ccaggacgag cacctcatta cattcttcgt gcctgtcttt gagccgctgc cccctcagta 60
cttcatccga gtgggtgtctg accgctgggt ctctgtgtgag acccagctgc ctgtctcctt 120
ccggcaacctg atcttgccgg agaagtaccc cctccaacc gaacttttgg acctgcagcc 180
cttgcccggtg tctgctctga gaaacagtgc ctttgagagt ctttaccag ataaatttcc 240
tttcttcaat cccatccaga cccaggtgtt taacactgta tacaacagtg acgacaacgt 300
gtttgtgggg gccccacgg gcagcgggaa gactatttgt gcagagtttg ccatcctgcg 360
aatgctgctg cagagctcgg aggggcgctg tgtgtacatc acccccatgg aggccctggc 420
agagcaggta tacatggact ggtacgagaa gttccaggac aggtcacaaga agaaggtgg 480
actcctgaca ggcgagacca gcacagacct gaagctgctg ggcaaaggga acattatcat 540
cagcacccct gagaagtggg acatactttc ccggcgatgg aagcagcgca agaactgca 600
gaacatcaac ctctctgtgg tggatgaggt ccaccttatc gggggcgaga atgggcctgt 660
cttagaagtg atctgctccc gaatgcgcta catctcctcc cagattgagc ggcccatcgt 720
cattgtggca ctcagctctt cgctctccaa tgccaaggat gtggccact ggctgggctg 780
cagtgccacc tccaccttca acttccatcc caatgtgcgt cccgtccct tggagctgca 840
catccagggc ttcaacatca gccatacaca aaccgcctg ctctccatgg ccaagcctgt 900
gtaccatgct atcaccaagc actcgcccaa gaagcctgtc attgtctttg tgcgtctcgt 960
caagcagacc cgcctcactg ccattgacat cctcaccacc tgtgcagcag acatccaacg1020
gcagaggttc ttgactgca ccgagaagga tctgattccg tacctggaga agctaagtga1080
cagcacgctc aaggaaacgc tgctaaatgg ggtgggctac ctgcatgagg ggctcagccc1140
catggagcga cgcctggtgg agcagctctt cagctcaggg gctatccagg tgggtggggc1200
ttctcgaggt ctctgctggg gcatgaacgt ggctgccac ctggtaata tcatggatac1260
ccagtactac aatggcaaga tccacgccta tgtggattac cccatctatg acgtgcttca1320
gatgggtggg cagccaacc gccctttgca ggacgatgag gggcgctgtg tcatcatgtg1380
tcagggtccc aagaaggatt tcttcaagaa gttcttatat gagccattgc cagtagaatc1440
tcacctggac cactgtatgc atgaccatt caatgctgag atcgtcacca agaccattga1500
gaacaagcag gatgctgtgg actacctcac ctggaccttt ctgtaccgcc gcatgacaca1560
gaaccccaat tactacaacc tgcagggcat ctcccatcgt cacttgctcg accacttgct1620
agagctgggt gagcagacc tgagtgcct ggagcagtc aagtgcata gcatcgagga1680
cgagatggac gtggcgctc tgaacctagg catgatcgcc gctactatt acatcaacta1740
caccaccatt gagctcttca gcatgtccct caatgccaa accaaggtgc gagggcttat1800

DE 198 18 619 A 1

```

cgagatcatc tccaatgcag cagagtatga gaacatccc atccggcasc atgaagacaal1860
tctcctgagg cagttggctc agaaggtccc ccacazgctg aataacccta agltcaatga1920
tccgcacgtc aagaccaacc tgctcctgca ggctcacttg tctcgcatgc agctgagtgcl980
5 tgagttgcag tcagatacgg aggaaatcct tagtaaggca atccggctca tccaggcctg2040
cgtggatgtc ctttccagca atgggtggct cagccctgct ctggcagcta tggaaactggc2100
ccagatgggc acccaagcca tgggtgcca ggactcatac ctgaagcagc tgccacactt2160
cacctctgag catatcaaac gttgcacaga caaggagtg gagagtgtt tgcacatcat2220
ggagatggag gatgaagaac ggaacgcgtt gcttcagctg actgacagcc agattgcaga2280
10 tgtggctcgc ttttgtaacc gctaccctaa tatcgaacta tcttatgagg tggtagataa2340
ggacagcatc cgcagtggtg ggccagttgt ggtgctggtg cagctggagc gagaggagga2400
agtcacaggc cctgtcattg cgcctctctt cccgcagaaa cgtgaagagg gctggtgggt2460
ggtgattgga gatgccaaat ccaatagcct catctccatc aagaggctga ccttgacga2520
15 gaaggccaag gtgaagttgg actttgtggc cccagccact ggtgccaca actacactct2580
gtacttcatg agtgacgctt acatgggatg tgaccaggag tacaattca gcgtggatgt2640
gaaagaagct gagacagaca gtgattcaga ttgagtcctg aggcatttac ttttgggtaa2700
aggagagttg agcctgaatt aggaatgtgt acattgtagg aatcctggtt gtggggacca2760
ggtctgtggg cctcaggtct ggccagccag ggctggtgct gtcccgcct acctccactt2820
20 cctttccctt gctcactctg gatccagtga cagcaggtgt catgggtcaa gcataaatca2880
tatatagcat tttcaggcat gttcctggta gttcttttga gtctgacatt ctaataaaaat2940
aattttaga aaaaaaacca aaaaaaaaaa aa 2972

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 496 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

ctcgagccga agagtccctg acctcctgtg caagaacatg aaacatctgt gttcttct 60
tctcctggtg gcagctccca gatgggtcct gtcccagggt cagctgcagg agtcgggccc120
aggactggtg aagccttcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg tgggtccat180
cagtagttac tactggagct ggatccggca gccccaggg aagggaactg agtggattgg240
60 gtatatctat tacagtggga gcaccaacta caaccctcc ctcaagagtc gagtcccat300
atcagtagac acgtccaaga accagttctc cctgaagctg agctctgtga ccgctgcgga360
cacggcctg tattactgtg cgagacaggg tatagcagtg gaccagcttg actactgggg420
ccagggaacc ctggtcaccg tctcctgagc ctgcaccaag gggccatcgg tcttccccct480
65 ggcacctgc tccaag 496

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 397 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

gaggctcctgg acctcctgtg caagaacatg aaacacctgt ggttcttcct cctcctggtg 60
 gcagctccca gatgggtcct gtcccagggtg cagctgcagg agtcggggcc aggactggtg120
 aagccttogg agacctgtgc cctcaactgc actgtctctg gtggctccat cagtagttac180
 tactggagct ggatccggca gcccgccggg aagggactgg agtggattgg gcgtatctat240
 accagtggga gcaccaacta caacccctcc ctcaagagtc gagtcacat gtcagtagac300
 acgtccaaga accagttctc cctgaagctg agctctgtga ccgccgcgga cacggccgtg360
 tattactgtg cgagagcaaa acgcagctgg acctcag 397

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 772 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  gggactcctc agttcacctt ctcacaatga ggctccctgc tcagctcctg gggctgctaa 60
   tgctctgggt ctctggatcc agtggggata ttgtgatgac tcagtctcca ctctccctgc 120
   ccgtcaccce tggagagccg gcctccatct cctgcaggtc tagtcagagc ctctgcatal 180
   gtaatggata caactattht gattgggtacc tgcagaagcc agggcagtct ccacagctcc 240
   tgatctattht ggggttcta at cgggcctccg ggggtccctga cagggttcagt ggcagtggtat 300
10  caggcacaga ttttacctg aaaatcagca gagggtggaggc tgaggatgtt ggggtttatt 360
   actgcatgca agctctacaa actcctctca ctttcggcgg agggaccaag gtggagatca 420
   aacgaactgt ggctgcacca tctgtcttca tcttcccgcc atctgatgag cagttgaat 480
   ctggaactgc ctctgttgtg tgctgtctga ataacttcta tcccagagag gccaaagtac 540
   agtgaaggtt ggataacgcc ctccaatcgg gtaactccca ggagagtgtc acagagcagg 600
15  acagcaagga cagcacctac agcctcagca gcacctgac gctgagcaaa gcagactacg 660
   agaaacacaa agtctacgcc tgcgaagtca cccatcaggg cctgagcttg gcccgtaa 720
   aaagggcttt caacaggggg aagtttttag aggggagatg tggccccacc tt 772

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1031 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

55  ggggaacggaa ggcagagca cggaccccg cccctcgagg ccccgctcgt gacgtcgagg 60
   ggggcgcggg cctccgccc gccccgagg gctctcccg gaggtcagc cccctctgct 120
   ccccatgggc aactgccagg cagggcacaa cctgcacctg tgtctggccc accaccacc 180
   tctggtctgt gccactttga tctgtctgct ccttggcctc tctggcctgg gccttggcag 240
   ctctctctc acccacagga ctggcctgcg cagcctgaca tccccagga ctgggtctct 300
   tttttgagat cttttggcca gctgacctg tgtcccagga atgggacagt cacagggaag 360
60  tggcgagggt ctacgctcgt gggcttgcct accacctga acttcggaga cgggtccagac 420
   aggaacaaga cccggacatt ccaggccaca gtcctgggaa gtcagatggg attgaaagga 480
   tcttctgcag gacaactggt ccttatcaca gccagggtga ccacagaaag gactgcagga 540
   acctgcctat attttagtgc tgttccagga atcctacct ccagccagcc acccatatcc 600
   tgctcagagg agggggctgg aaatgccacc ctgagcccta gaatgggtga ggaatgtgtt 660
65  agtgtctgga gccatgaagg ccttgtgtct accaagctgc tcacctcgga ggagctggct 720
   ctgtgtggct ccaggctgct ggtcttgggc tccttctgct ttctctctc tggccttctc 780
   tgctgtgtca ctgctatgtg cttccaccg cgcggggagt cccactggtc tagaaccctg 840
   ctctgagggc actggcctag ttcccagact gtttctcagg tgtgaatcaa cttcttgggc 900

```


cttggctctg agttggaaaa ggttttagaa aaactgaaga gctcgaatgt ggjygaaaat 960
 aaaaagctttt ttgcccataa aaaaaaaaaa aaaaadadaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
 aaaaaaaaaa a 1031

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 739 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

cggctcgagc cccgctcagt caccgcgagc aggcgtgcag tttcccggt ctccgcgcgg 60
 ccggggaagg tcagcgccgt aatggcgttc ttggcgtcgg gacctacct gaccatcag120
 caaaagggtgt tgcggcttta taagcgggag ctacgccacc tcgagtcgtg gtgcgtccag180
 agagacaaat accgatactt tgcttggttg atgagagccc gggttgaaga acataagaat240
 gaaaaggata tggcgaaggc caccagctg ctgaaggagg ccgaggaaga attctggtac300
 cgtcagcatc cacagccata catcttcctt gactctcctg ggggcacctc ctatgagaga360
 tacgattgct acaagggtccc agaattggtgc ttagatgact ggcacccctc tgagaaggca420
 atgtatcctg attactttgc caagagagaa cagtgggaaga aactgcggag ggaaagctgg480
 gaacgagagg ttaagcagct gcaggaggaa acgccacctg gtggtccttt aactgaagct540
 ttgccccctg cccgaaagga aggtgatttg cccccactgt ggtggtatat tgtgaccaga600
 ccccgaggagc ggcccatgta gaaagagaga gacctcatct ttcattgctg caagtgaat660
 atgttacaga acatgcactt gccctaataa aaaatcagtg aaatggaaaa aaaaaaaaaa720
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 739

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

cggctcgagc ctcaattcac cttctcacca tgaggctccc tgctcagctc ctggggctgc 60
taatgctctg ggtccctgga tccagtggag atattgtgat gaccagact ccactctccc120
tgcccgctcac cctggagag cggcctcca tctctgcag gtctagtcag agcctcttgg180
atagtgatga tggaaacacc tatttgact ggtacctgca gaagccaggg cagtctccac240
agctcctgat ctatacgctt tcctatcggg cctctggagt ccagacagg ttcagtggca300
gtgggtcagg cactgatttc acactgaaaa tcagcagggt ggaggctgag gatgttggag360
25 tttattactg catgcaacgt atagaatttc cttacacttt tggccagggg accaagctgg420
agatcaaacg aactgtggct gcaccatctg tcttcatctt ccgcatctt ggatgagcag480
ttgaaatctg gaacttgct ctgttgttgt gcctgcttga ataactttct attcccagag540
aggggcaaa taacagtga aggttgatt aacgcctgc aattcgggta actgccagg600
30 gagtagtttt cacaggcag ggcagcaag gacagcacct acagtcttag t 651

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 823 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

```

ccgcgtcgac aaattttttt aaagatcatc gatgaagaga gaaaatgcgc tttttacag 60
agtcccttc ccaccacag ccccatccc agataagcgg ggagttccct ggcgcggtgc120
65 cagtttctag ccgctgagt ggctgtgctg cggtccaag tgcgcctgcg tactgtcac180
tcccagctc cgcgcctgc tccgttctc ccaaaactct gaatcgaaga actttccgga240
agtttctgag agccagacc ggcgggcaag cgccatccc caacccctc tgtaatccc300
taccagcctg cagtccctggc tgcttccaag caggaggtgg ggctctggc ctagcggggc360

```

DE 198 18 619 A 1

```

cgaaaggcag tgccctccc ccgcagctcg atttccctct tccccccaac ggcaagcacg120
aggagcggca ggacgagcat ggctacatct ccggtgctt cacgoggaaa tacacgctgc480
ccccgggtgt ggaccccacc caagtttctt cctccctgtc ccctgagggc aactgaccg540
tggaggcccc catgcccagg ctagccacgc agtccaacga gatcaccatc ccagtacact600
tcgagtcgag gggccagctt gggggcccag aagctgcaaa atccgatgag actgccgcca660
agtaaagcct tagcccgat gccacccct gctgccgcca ctggctgtgc ctccccgcc720
acctgtgtgt tcttttgata catttatctt ctgtttttct caaataaagt tcaaagcaac780
cacctgtgca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 823

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 457 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

cataaggga atgctttctg agagtcattg atctcatgtg caagaaaatg aagcacctgt 60
ggtttcttct cctgctgggt ggggtccca gatgggtcct gtcccagctg cagctgcagg120
agtcggggcc aggactgggt aagccttcgg agaccctgtc cctcacctgc actgtctctg180
gtggctccat cagcagtagt agttactact ggggctggat ccgccagccc ccagggaagg240
ggctggagtg gattgggagt atctattata gtgggagcac ctactacaac ccgtccctca300
agagtcgagt caccatatcc gtagacacgt ccaagaagta cttctccctg aagctgagct360
ctgtgaccgc cgcagacacg gctgtgtatt actgtgcgag acatgactgg tattacgata420
ttttgactgg ttatgcgaaa ccggcacag gttcgac 457

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1203 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

gtcggggg cctgcgcagt cgctcttcc caggcggcgg ccatggcggg acaggaggat 60
ccgggtgcagc gggagattca ccaggactgg gctaaccggg agtacattga gataatcacc 120
agcagcatca agaaaatcgc agactttctc aactcgttcg atatgtcttg tegtccaaga 180
cttgcaacac taaacgagaa attgacagcc cttgaacgga gaatagagta cattgaagct 240
cgggtgacaa aaggtgagac actcacctag aacagtgcgg tgctgctgct gggaagttgc 300
tttacacaac acaggccaca tgggaaagcc ccagcagcc ttcagctcct tcctttctcc 360
ttaaagagca acaggcctta ttcttggttt tcttttttca aaagtgtggc ctttgggctc 420
tgccatctgg ggtgtggtgt ggtatgtggg aagaagttca gaggaaccgt tggaaacgac 480
gttaggcatt ttaccttttc agtaacattt tatacatcta cttgtcaatg tatttgagac 540
attcacagcc aaaagcctgg gactctttgt gaaggtcctc ctcacctcta tctttctttc 600
tctctctctc aaactttcct taaagttctc attgcctttg cactgcttct gtgaacagtc 660
tttgtctcct cccacacttt ggtgggaagt gcggggcagt cctggtcaag acactcatgc 720
cctggcaatg tggctgccag agaattgtgt tgctaaccga ccagtttctt gttgatttgg 780
agaggtcaag gccaggcccc cacttggcct gaaggacat tttcagactt tctttctgt 840
cacttggagt gtctatgcct ctcatatttc cctaataaac tcctcaactt tttatctgac 900
tgctgtgatt atggtgggga gaggagctag agatgggttc acttattgca cagaaatgta 960
atacatggcg ttattattct aacataaaac tttcagatgt agctgtttga ttcaaagcct 1020
aggtgcttac cagcccaagt ccccatgttt ggactttcag ctgactagct catcttggga 1080
atcatttggc cattcagcac atttaccag gattttactat gtaggcagtg taaactcca 1140
taaacatac agcattgaat cagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1200
aaa
1203

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 207 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

cggctcgagg cgcgcctcgg tgctcagtgtc cccaggacag acggccagga tcacctgctc 60
 tggacatgca ttgccaagc aatgatgctt attggtacca gtcagaggcc agggccaggc120
 ccctgtgctt ggtggatccc ttgaaagaac attggaggag ggcccttcag ggcattgccct180
 ggagacggat tgctctgggc ttccaac 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 346 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

cggtctgagc ggctcgaggc cgggatgggtg ggtgctacgc cccttgggta ctggggccag 60
 ggaacccctg tcaccgtctc ctacgcctcc accaagggcc catcggtctt cccccgggca120
 ccctcctcca agagcacctc tgggggcaca gcggccctgg gctgcctggt caaggactac180
 ttccccgaac cggtagcggg gtcgtggaac tcaggcgctt gaccagcggc gtgcacacct240
 tcccggctgt ctacagtctc aggactctac tcctcagcag cgtggtgacg tgccctccag300
 cagttgggca ccagacctac atctgcaagt gaatcgaagc cagcaa 346

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 926 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

cggtctctaag gaagcagcac tgggtggtgcc tcagccatgg cctggaccgt tctcctcctc 60
ggcctcctct ctcactgcac aggtctctgtg acctcctatg tgctgactca gccaccctcg120
gtgtcagtgg ccccaggaca gacggccagg attacctgtg ggggaaacaa cattggaagt180
aaaagtgtgc actggtacca gcagaagcca ggccaggccc ctgtgctggt cgtctatgat240
gatagcgacc ggccctcagg gatccctgag cgattctctg gctccaactc tgggaacacg300
gccaccctga ccatcagcag ggtcgaagcc ggggatgagg ccgactatta ctgtcaggtg360
tgggatatga gtagtatca ttgggtgttc ggcgaggga ccaagctgac cgtcctaggt420
cagcccaagg ctgccccctc ggtcactctg ttcccgcctt cctctgagga gcttcaagcc480
aacaaggcca cactggtgtg tctcataagt gacttctacc cgggagccgt gacagtggcc540
tggaaggcag atagcagccc cgtcaaggcg ggagtggaga ccaccacacc ctccaaacaa600
agcaacaaca agtacgcggc cagcagctat ctgagcctga cgctgagca gtggaagtcc660
cacagaagct acagctgcca ggtcacgcat gaaggagca ccgtggagaa gacagtggcc720
cctacagaat gttcataggt tctcaaccct cacccccac caccggagac tagagctgca780
ggatcccagg ggagggtct ctctccac cccaaggcat caagcccttc tccctgcact840
caataaacc tcaataaata ttctcattgt caatcaggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2384 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

gctctccgcc cgccgcctct gtctccctct ctccacaaac tgcccaggag tgagtagctg 60
ctttcggtcc gccggacaca ccggacagat agacgtgcgg acggcccacc accccagccc 120
gccaaactagt cagcctgcgc ctggcgctc cctctccag gtccatccgc catgtggccc 180

```

ctgtggcgcc	tctgtgtctct	gctggccctg	agccaggccc	tgccttttga	gagagagaggc	240	
ttctgggaact	tcaccctgga	cgatgggcca	ttcatgtatga	acgatgaggga	agcttcgggc	300	
gctgacacct	cgggcgtcct	ggaccgcggac	tctgtcacac	ccacctacag	cgccatgtgt	360	
cctttcgggt	gccactgcca	cctgcgggtg	gttcagtgtct	ccgacctggg	tctgaagtct	420	5
gtgccc aaag	agatctcccc	tgacaccacg	ctgctggacc	tgcagaacaa	cgacatctcc	480	
gagctccgca	aggatgactt	caagggtctc	cagcacctct	acgccctcgt	cctgggtgaac	540	
aacaagatct	ccaagatcca	tgagaaggcc	ttcagcccac	tgcggaagct	gcagaagctc	600	
tacatctcca	agaaccacct	ggtggagatc	ccgccc aacc	taccagctc	cctgggtggag	660	
ctccgcatcc	acgacaaccg	catccgcaag	gtgccc aagg	gagtgttcag	tgggctccgg	720	10
aacatgaact	gcacgagat	gggcgggaac	ccactggaga	acagtggctt	tgaacctgga	780	
gccttcgatg	gcctgaagct	caactacctg	cgcacatcag	aggccaagct	gactggcatc	840	
cccaaagacc	tccttgagac	cctgaatgaa	ctccacctag	accacaacaa	aatccaggcc	900	
atcgaactgg	aggacctgtc	tcgctactcc	aagctgtaca	ggctgggcct	aggccacaac	960	15
cagatcagga	tgatcgagaa	cgggagcctg	agcttcctgc	ccacctccg	ggagctccac	1020	
ttggacaaca	acaagttggc	cagggtgccc	tcagggtctc	cagacctcaa	gctcctccag	1080	
gtggtctatc	tgactccaa	caacatcacc	aaagtgggtg	tcaacgactt	ctgtcccatg	1140	
ggcttcgggg	tgaagcgggc	ctactacaac	ggcatcagcc	tcttcaacaa	ccccgtgcc	1200	
tactgggagg	tgacgcggc	cactttccgc	tgcgtcactg	acgcctggc	catccagttt	1260	20
ggcaactaca	aaaagtagag	gcagctgcag	ccaccgcggg	gcctcagtgg	gggtctctgg	1320	
ggaacacagc	cagacatcct	gatggggagg	cagagccagg	aagctaagcc	agggcccagc	1380	
tgcgctccaa	ccagcccccc	acctcgggtc	cctgacccca	gctcgatgcc	ccatcaccgc	1440	
ctctccctgg	ctcccaaggg	tgaggtggg	cgcaaggccc	ggcccccatc	acatgttccc	1500	
ttggcctcag	agctgcccct	gctctccac	cacagccacc	cagaggcacc	ccatgaagct	1560	25
tttttctcgt	tcactcccaa	acccaagtgt	ccaaggctcc	agtcctagga	gaacagtccc	1620	
tgggtcagca	gccaggaggc	ggtccataag	aatggggaca	gtgggctctg	ccagggtctg	1680	
cgcacctgtc	cagacacaca	tgttctgttc	ctcctcctca	tgcatttcca	gcctttcaac	1740	
cctccccgac	tctgcggctc	ccctcagccc	ccttgcaagt	tcattggcctg	tccctcccag	1800	30
acccctgtct	cactggcccct	tcgaccagtc	ctccctctg	ttctctctt	ccccgtcctt	1860	
cctctctctc	tctctctctc	tttctgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	tgtgtgtgtg	1920	
tgtgtgtgtc	ttgtgtcttc	tcagaccttt	ctcgtctctg	agcttggtgg	cctgttccct	1980	
ccatctctcc	gaacctggct	tcgctgtccc	ctttcactcc	acacctctg	gccttctgcc	2040	
ttgagctggg	actgctttct	gtctgtccgg	cctgcaccca	gccccgtccc	acaaaacccc	2100	35
agggacagcg	gtctccccag	cctgcctctg	tcaggccttg	cccccaaac	tgtactgtcc	2160	
cggaggaggt	tgggaggtgg	aggccagca	tcccgcgcag	atgacaccat	caaccgccag	2220	
agtcccagac	accggttttc	ctagaagccc	ctcaccccca	ctggcccaact	ggtggctagg	2280	
tctcccctta	tccttctggt	ccagcgcaag	gaggggctgc	ttctgaggtc	ggtggctgtc	2340	40
tttccattaa	agaaacaccg	tgcaacgtga	aaaaaaaa	aaaa		2384	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 334 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

ctcgagccga attcggtctg agaggagccc agccctggga ttttcaggtg ttttcatttg 60
 gtgatcagga ctgaacagag agaactcacc atggagtttg ggctgagctg gctttttctt120
 10 gtggctatatt taaaaggtgt ccagtgtgag gtgcagctgt tggagtcttg gggaggcttg180
 gtacagcctg gggggtccct gagactctcc tgtgcagcct ctggattcac ctttagcagc240
 tatgccatga gctgggtccg ccagggtcca gggaaggggc tggagtgggt ctccaggtatt300
 agtggtagtgt gtgtgatagt acacactacg caga 334

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 845 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcgttcacctc cgccgagcta cttctttctt tccttttttt tttttttctg gctaacagaa 60
 ttttattgtt aaatcacaga aacttttagtg caaaacaaaa atcacgaagt ccatttaata120
 gcaacttcac gtcctgctgg ctttgcttgc tgtctcctgg caaccagaag tggacagaag180
 50 cgtgggtgccc caagtgggccc acagacagct tccaaccccc acaccccagc atccaatcca240
 caccacagcag acccttcggc atgccgccct ctaccaggaa gccagaggcc taggagctcg300
 coactccatat ttatttgaaa aggtcaaaag gāgcatctat gagacaaggg aggggtgcag360
 gctgaagcag cgccctcaaca gccagggaca tgtaggcaac acgagcaggc acagcgcggc420
 55 caccactgtc cacacgctca cacaagccag gcccgaggc ccttcggaga gctagcagggt480
 tacattcagg cagatggccc tcttcccacc caaaccaca gaaccccaaa caaggcatca540
 ccaggaaaga cacgggaaag ccaaatcaca gttgaaccag ggacagagaa cccttggtccc600
 cactgatgtc ccaagccacc agcagctgtc tccaaaatcc ctatgctatt acagtgggaa660
 ttacatcatt taaaagcct gattattccc aggcttctaa tctttcatat aaaactgcct720
 60 ttgttttgct cctttgttca actcagaggc ccagcaaagc gggcagggtc cctgatcagg780
 gcaggagccc acctcagaag cccatgccgc accagtggcc aagcacatgt cagtgcctcag840
 aacaa 845

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggctggttg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcacggaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatggtga gaatcccaaa tttgattgat 480
ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaaagcct ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt ttacatttgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctaccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
ccatattgag tcaaatggta ggcatttctt atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080
cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgca ctaatttcaa1140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200
agtgggtgca tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagcga ttctcctgcc1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggg acctgccacc atgcccggt aatttttgta1320
attttagtag agacagggtt tcaccatgtt gcccgagctg gtttcgaact cctgacctca1380
gggtatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccccgcgc1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttacaa tttaaaaaaa1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagga1560
gtcaaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
cacaaaactt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat1680
cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa taatttttaga tagttagaac1740
ctggctcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacaa ctgcctcgac1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtc1920
tttttttcca tcttttagaa actacatggg aacaaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980
tgtgtgtgtg aatgaacact ctgtctttat tccagaa'tgc tgtacatcta ttttgattg2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaggggcag2160
gagagaggaa aaggggaggga agaggagggg ggaagagaa gggagagaga aggaggggga2220
aggaggtggg ggg                                     2233

```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 243 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

ggagcccagc actagaagtc ggcgggtgttt ccattcggtg atcagcactg aacacagagg 60
actcaccatg gagtttgggc tgagctgggt ttctctcggt gctcttttaa gaggtgtcca120
gtgtcaggtg cactggtgga gcggggagcg ggtcagcagg agtcctgaat cctgtgacgc180
tgatcagtc tatatcagat ggcgcagctc agcagggtga tgggggtatga atgataacat240
aca                                     243
    
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

gtttttttttt tttttttttt aagagagcag attctcttta ttgagatacg ggacacagcg 60
aaggggtggag agacgggaaca gcccccagc ctcagccctc tccacggggg ccggatgcc 120
gagatggggag aagggtattca gtctctcgcc cgggaaaccc agtcccacag agggcgccgg 180
caagggtggg acgcgacctg ggtgacacgg tgcaggaggt ctttaaatag aggaggggct 240
ggagcgggga aacgcgcccg gccctagcg caccatgtat tccttgcgct tattgagccg 300
aacttggcag aaagagaagc ctccgaggag gaggtaaagg cctgcagcga tgaacagtt 360
gtagctgact tgctcgtaaa ggttgatat gttctggggg ccattctcaa aatctttctc 420
cgtgaaggga acgtcctcaa tcaacacagc ggaatggaca ttgaaaaata ttccgagcat 480
tatcaacatg atcactcccc aggcgctgag gacgatgccg caggcgccca gcttcggccc 540
acagcacagg agcgacgcca taaagaagg agtcggggat cgccgaggtg caagcgggct 600
cggaaagcgg tgggagaaag cccaggatgc cctcgaggg gggcagaggg ggcgtggccc 660
cggcctcaac catcccatcc gggggcgcca ggcggaaaag gctgggctcc tctcaggact 720
ttcgcgggag acggcgccgt ctgaaaccaa aactgctcct ggggaaacct tccttgacct 780
ctgtagctag ggcgtgagta ttggaagagc gagggcc 817

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

gttcgggtc acatgggaaa tactttctga gagtcctgga cctcctgtgc aagaacatga 60
aacacctgtg gttcttctc ctgctgggtg cagctcccag atgggtcctg tcccagggtg 120
agctgcagga gtccggccca ggaactggta agccttcaca gacctgtcc ctcacctgca 180
ctgtctctgg tggctccatc agcagtgggt gttactactg gagctggatc cgccagcacc 240
cagggaaagg cctggagtg attgggtaca tctattacag tgggagcacc tactacaacc 300
cgtccctcaa gagtcgagtt accatatcag tagacacgtc taagaaccag ttctccctga 360
agctgagctc tgtgactgcc gcggacacgg ccgtgtatta ctgtgcgaga gagcatctct 420
cctacggtga ctcgagatac tactactacg gtatggacgt ctggggccaa gggaccgggt 480
caccgtctcc tcagcatccc cgaccagccc caaggtcttc ccgctgagcc tctgcagcac 540
ccagccagat gggaacgtgg tcatcgccgt cctgggtccag ggcttcttcc ccaggagacc 600
actcagtgtg acctggagcg aaagggacag ggcgtgaccg ccagaaactt cccaccagc 660
caggatgcct ccggggacct gtacaccacg agcagccagc tgaccctgcc ggccacacag 720
tgcttagccg gcaagtccgt gacatgccac gtgaagcact acacgaatcc cagccaggat 780
gtgactgtgc cctgcccagt tccctcaact ccacctaccc catctcctc aactccacct 840
accccatctc cctcatgctg ccacccccga ctgtcactgc accgaccggc cctcgaggac 900

```

DE 198 18 619 A 1

```

ctgctcttag gttcagaagc gaacctcagc tgcacactga ccggcctgag agatgcctca 960
ggtgtcacct tcacctggac gccctcaagt ggaagagcg ctgtctcaagg accacctgag1020
cgtgacctct gtggctgcta cagcgtgtcc agtgtcctgc cgggctgtgc cgagccatgg1080
5 aacctatggga agaccttcac ttgcaactgct gctacccccg agtccaagac cccgctaacc1140
gccacctctt caaaatccgg aaacacattc cggcccagag tccacctgct gccgcccgcg1200
tcggaggagc tggccctgaa cgagctggtg acgctgacgt gcctggcacg cggcttcagc1260
cccaaggacg tgctggttcg ctggctgcag gggtcacagg agctgccccg cgagaagtac1320
ctgacttggg catcccggca ggagcccagc cagggcacca ccaccttcgc tgtgaccagc1380
10 atactgcgcg tggcagccga ggactggaag aagggggaca ccttctcctg catggtgggc1440
cacgaggccc tgccgttggc cttcacacag aagaccatcg accgcttggc gggtaaacc1500
acccatgtca atgtgtctgt tgtcatggcg gaggtggacg gcacctgcta ctgagccgcc1560
cgctgtgcc caccctgaa taaactccat gctccccca gcaaaaaaaa aaaaaaaa1620
15 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1644

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

atztatctgg gacagacatc ttcagaatga cacatgccaa acagtgggtc ttattaaatc 60
aaagggttcag atattatcag attcagaaat agtgatgctt tgtgtatcta tttcttctc 120
50 tttaaacaga aaaagacaaa tgaatgggga aagacaatca ttgaatacaa aacaaataag 180
ccatcacgcc tgcccttctt tgatattgca cctttggaca tcgggtgggtc tgaccaggaa 240
ttctttgtgg acattggccc agtctgtttc aaataaatga actcaatcta aattaaaaaa 300
55 gaaagaaatt tgaaaaaact ttctctttgc catttcttct tcttcttttt taactgaaag 360
ctgaatcctt ccatttcttc tgcacatcta cttgcttaaa ttgtgggcaa aagagaaaaa 420
gaaggattga tcagagcatt gtgcaatata gtttcattaa ctccttcccc cgctccccc 480
aaaatttgaa tttttttt aacactctta cacctgttat ggaaaatgtc aacctttgta 540
agaaaaccaa aataaaaatt gaaaaataaa aaccataaac atttgacca cttgtggctt 600
60 ttgaatatct tccacagagg gaagttaaaa acccaactt ccaaagggtt aaactacctc 660
aaaacacttt cccatgagtg tgatccacat tgtaggtgct tgacctagac agagatgaac 720
tgaggctcct gttttgtttt gttcataata caaagggtgct aattaatagt atttcagata 780
cttgaagaat gttgatgggt ctgagaagaa ttgagaagaa atactcctgt attgagttgt 840
atcgtgtggg gtatttttta aaaaatttga tttagcattc atattttcca tcttattccc 900
65 aattaaaagt atgcagatta tttgccaaa tcttcttcag attcagcatt tgttctttgc 960
cagtctcatt ttcattctct tccatgggtc cacagaagct ttgtttcttg ggcaagcaga1020
aaaattaaat tgcacctatt ttgtatatgt gagatgttta aataaattgt gaaaaaaatg1080
aaataaagca tgtttggttt tccaaaagaa aaaaaaaa aaaaaagtcg acc 1133

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 969 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

gaggaggagg gtgtatctcc ttctgctgga ccgccccttg gcttctgcac tgatgggtggg 60
tgatgagta atgcatccag gaagcctgga ggccctgtgg ttccgcaccc gctgccaccc120
ccgcccctag cgtggacatt tatcctctag cgctcaggcc ctgcccgcac cgccgcagat180
ccagcgccca gagagacacc agagaaccga ccatggcccc ctttgagccc ctggcttctg240
gcacctctgt gttgctgtgg ctgatagccc ccagcagggc ctgcacctgt gtcccacccc300
accacagac ggcttctctg aattccgacc tcgtcatcag ggccaagtgc gtggggacac360
cagaagtcaa ccagaccacc ttataaccagc gttatgagat caagatgacc aagatgtata420
aagggttcca agccttaggg gatgccgctg acatccgggt cgtctacacc cccgccatgg480
agagtgtctg cggatacttc cacaggtccc acaaccgcag cgaggagtgt ctcatgtctg540
gaaaactgca ggatggactc ttgcacatca ctacctgcag ttctgtggct ccctggaaca600
gcctgagctt agctcagcgc cggggcttca ccaagacctc cactgttggc tgtgaggaat660
gcacagtgtt tcctgttta tccatcccct gcaaactgca gaggggcact cattgcttgt720
ggacggacca gtcctccaa ggctctgaaa agggcttcca gtcccgtcac cttgcctgcc780
tgccctcgga gccagggtgt tgcacctggc agtccctgcg gtcccagata gcctgaatcc840
tgcccggagt ggaagctgaa gcctgcaag tgtccaccct gttcccactc ccattcttct900
tccggacaat gaaataaaga gttaccaccc agcaaaaaaa aaaaaaaaaa acaagtcgtc960
gcgtgctgt 969

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 617 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```
cctacaccta ccctcccttt gggtttctat tgggaccgcg atgatttgct ttggaaggct 60
taacccctt cttcccaaaa cttgccccg gagaacccc agccttacga ccctcctcct120
gaagatgcaa aaccagcttg ccggccgcgc tctcttccag gacatcaaga agccagctga180
agatgagtg ggtaaaacc cagacgccat gaaagctgcc atggccctgg agaaaaagct240
gaaccagggc cttttggatc ttcatgccct gggttctgcc cgcacggacc cccatctctg300
tgacttctg gagactcact tcctagatga ggaagtgaag cttatcaaga agatgggtga360
ccacctgacc aacctccaca ggctgggtgg ccggaggct gggctgggcg agtatctctt420
cgaaaggctc actctcaagc acgactaaga gccttctgag ccagcgact tctgaagggc480
cccttgcaaa gtaatagggc ttctgcctaa gcctctccct ccagccaata ggcagctttc540
ttaactatcc taacaagcct tggaccaaat ggaaataaag ctttttgatg caaaaaaga600
ggagggggga aaaaagc 617
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 704 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

```
ggggagactc gtcaccaggc gtgcagtggg cactgctggg ctcccccatc ccgtcctaac 60
ccggaacagc ccggggcagg aggcgtggaa agtcgagggg gtaaaccgcg aatgtgcgtt120
gtgtaagcca cggcgcaggg tggggcgcgg gcgggacttg ggcgggcggg gtgggcttgg180
ccgagctggc ctccggggca ccgaccgcta taaggccagt cggactgcga cacagcccat240
cccctcgacc gctcgcgctg catttgcccg cctccctacc gctccaagcc cagccctcag300
ccatggcatg cccctggat caggccattg gcctcctcgt ggccatcttc cacaagtact360
```

ccggcagggg ggggtgacaag cacaccctga gcaagaagga gctgaaggag ctgatccaga420
 aggagctcac cattggctcg aagctgcagg atgctgaaat tgcaaggctg atggaagact480
 tggaccggaa caaggaccag gaggtgaact tccaggagta tgtcaccttc ctgggggcct540
 tggctttgat ctacaatgaa gccctcaagg gctgaaaata aatagggag atggagacac600
 cctctggggg tcctctctga gtcaaatcca gtgggtggga attgtacaat aaattttttt660
 tgggtcaaatt taaaaaaaaa aaaaaaagag aaaaaagggt gagc 704

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

PCSSQFHPVE NRSQEPLAGD SMSPTLPVQ NMNNAMFLQK TLSLSFIGGN HQTTAECRTL60
 SRTTDLSPSH SPYHHKSHNK KEKRYFGFKK SKKIM 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 52:

LPRDTWFKLK CLTDHSRHVL HSYVNVSHLT WVHCLQTEHR LPLAWFENRN RAMPTDPSYV60
 WASKWNCTFI QIFTCL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:

RVNNCQEQLV VLKYNPQPRI PPVLQMDQLK QANTEDTKNE VRFIETRVTP LDELNTKMTL60
 TLSRYRSSET CLQNEIPEEF CSYPEIRGSN 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:

PLQPPRAMAP RGCIVAVFAI FCISRLLC SH GAPVAPMPY LMLCQPHKRC GDKFYDPLQH 60
 CCYDDAVVPL ARTQTCGNCT FRVCFEQCCP WTFMVKLINQ NCDSARTSDD RLCRSVS 117

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:

RVPQPALGWC RVDVGHGRHQ EGSESLGPHQ HTHMLSRIL EGDWASSGQ RQGGPQTGHR 60
 MKWAVECVFL WPPNSHSASQ ISGNTSLFLQ AHPGRRIQES SFP 103

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 5
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 10
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT: 15
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 56: 20
RCSFHTSGSW PRARRHHHSN SAAGGRRTCP HISCVAGTAS GKESWGPLGL RVSRGAWRCR60
KWQRQLRCSL GEPWLWVVAV E 81
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57: 25
- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 30
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 35
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT: 40
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 57: 45
RAARADSARA FELPACKVVV PQGPPPGHVG AAGQAFPSFE RGFRCSRAS GLRSSLPSEF 60
SVVASPPPTH QSRCILGRAL GAMAPRGRKR KAEAAVVAVA EKREKLANGG EGMEEATVVI120
EHCTS 125
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58: 50
- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear 55
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 60
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT: 65
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 58:

5 QRSPPPFPFR RSPASLASRL RRPPRPQPYA SSRGEPWRLE PGRECSGTGG WGAETRPLSG 60
NWATKSAARK LCSYSGNLSQ RKGKLGHP RGLADLGAQ PLCKQGAGRL EPNRLERLE 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- 10 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 59:

30 TRQLVQCSIT TVASSIPSPP FASFSRFSAT ATTAASALRF LPRGAMAPRA RPRMQRDWWV 60
GGGDATTERK LGNEERSPEA LLLQKPLSK EGKAWPAAPT WPGGGPWGTT TLQAGSGKAR120
AESARAAR 128

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
40 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 60:

VTVMQFNFEF SFKYVLYSSY SWLKLDTIA DCMVETWTPC RMLDYLYSSY ANMLWAGEMK 60
SSSHQDLLFK WLDNWATKEL ELHLLGFELF WNTLLHFGKS KSSASGALSI ENLPSFALKD120
VLFFIYT 127

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
65 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 61:

SIGPICSQGL GPGGIPSPIT LIKNGCNCKN PCLIIYLQCS HLQMYLLMLS CQVPMQRWRG 60
LPLCGWGLWV VVKDRYQKNA FKCTNLLINI RCLLKKKKKK KKRVGGVGCI G 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 62:

YRSETTTTHKP HPHKGSPPRL CIGTWQLSIR RYICKWEHSC KYIRQGFLQL QPFLIKVIGE60
GIPPGPRP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(A) LÄNGE: 195 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

LVQPGGSCSG GRLLGVEFPS APRVRPFERS APAPATSLLG AMTTTTTFKG VDPNSRNSSR 60
VLRPPGGGSN FSLGFDEPTE QPVRKNKMAS NIFGTPEENQ ASWAKSAGAK SSGGREDLES120
SGLQRRNSSE ASSGDFLDLK GEGDIHENVD TDLPGSLGQS EEKPVPAAPV PSPVAPAPVP180

SRRNPPGGKS SLVLG

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

5

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

VSQSFPSNLL LENTHAMHR PKSQQRETC SSKEKKKRQQ YIKCFFLMKQ IQEMYSQAQV 60
VQFTSMEEED RTTAFRTVRA NRRGWTCRQ GDFWMALGP GPPGWAQAOQ ARASLHSAPG120
CLASLCPHFH EYHLLPSDLR SLRSLLRSS FSAVQMTPSL PCHH 164

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

35

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

FQAVSLYIQA FLCVRKALL ISQPVLLLSG YFLRLKNKRQ FLCFAGGKAG GAGLFIVHMS 60
QEEALSKGHW QVRATPRRLC GETPCGLGPG RNGACGLFMV CPVEAW 106

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

60

- (A) LÄNGE: 349 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

AALRSDAGMK RALGRRKGVW LRLRKILFCV LGLYIAIPFL IKLCPGIQAK LIFLNFVRVP 60
YFIDLKKPQD QGLNHTCNYY LQPEEDVTIG VWHITPAVWW KNAQGKDQMW YEDALASSHP120
IILYLHGNAG TRGGDHRVEL YKVLSSLGYH VVTFDYRGWG DSVGTPSERG MTYDALHVFD180
WIKARSGDNP VYIUGHSLGT GVATNLVRR L CERETPPDAL ILESPTNIR EEAKSHPFVS240
IYRYFPGFDW FFLDPITSSG IKFANDENVK HISCPILLIH AEDDPVVPFQ LGRKLYSIAA300
PARSFRDFKV QFVPPHSDLG YRHKYIYKSP ELPRILREFL GKSEPEHQH 349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 191 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

SGLSRLGPGR NQHAGQDVLC EVAAALHQVL KELLGQGIDY EKILKLTADA KFESGDVKAT 60
VAVLSFILSS AAKHSVDGES LSSELQQLGL PKEHAASLCR CYEEKQSPLQ KHLRVCSLRM120
NRLAGVGWRV DYTLLSSSLQ SVEEPMVHLR LEVAAAPGTP AQPVAMSLSA DKFQVLLAEL180
KQAQTLMSSL G 191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

FFFFFFFFF FFFSLLYFC LFFLLMKTAN NCLSRGKVM LGKVLRSPEP SSQERSEAAG 60
DLGGQSPGQG LSILEPGLPP EEQFRGRDSI RAGRLHTGLE HPSPQPRELI RVWACFSSAR120

RTWNLSAERD MATGWAGVPG AAATSSRRCT MGSSTDCSRL ELRV

164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

NQGCLPKSSS EGVTPYGQGG STQAWNLLLL SPGSSSGSGP ASVLPGGPGT CLLRGTWQQA 60
GLGSLGQLPP PAAGAPWALP RIAAGWSSGC SPPASPHLPT YSCVGCRPAS ASARGFASPH120
NSGTGWPRAL WAAPAAAVHW TRIRHRHCAW PHWRG 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

RRAAVTWVWL GVLCFESAVF TPTEVVRTCR LLRF

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:
KRLTQNTTPP TRPKSQLHVF KTSFKVSYFS TS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

10

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:
ENRSNLHVLT TSVGVTADS KHNTFNQTQV TAARLQN

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

35

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:
LVKGMTVLEA VLEIQAITGS RLLSMVPGPA RPPGSCWDPT QCTRTWLLSH TPRRRWISGL 60
PRASCRLGEE PPPLPYCDQA YGEELSIRHR ETWAWLSRTD TAWPGAPGVK QARILGELL120
V 121

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

QACPWASLAQ GQTRLRRKL DTPVHGGLGL EGWLSGLEVP GGLPAGTRPS AAGWAVPCCC 60
CPQGLAVVAE DGTLSGWIRS PGSSSSRELR HKAGARLYTC RTQESLLQFL PEAPR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RWHLIRLDQV TRQQQLSRAE AQGRGPAVHL QDPGEPVAVL ARSAEIASSV SLQQEQNLW 60
PRWVGSAFL AMAAATPRQE TAECLEGCNT RSNRQPPLFL MSDGQALQHL DRHGGWS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

PPQERRTIFV LYPRGSGREN MESGFYRLIG PIHKGHDWEK VWEQKENWDF RVQYAHPKLL60
VAWGMS 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

20

ALSTRAMTGK RYGSRRRIGI LGCSTLTNLF WWPGACLEAQ TVKQALLACL LVTTSAPAVL60
RLHPAPGTTP APEPPLSPCD G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

25

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

45

TLLTIHIWTR DTVHEVHPSQ GDSGGSGAGG VPGAGWSLKT AGAEVVTSKQ ASRACLTVWA 60
SRHAPGHQKF RVSVLHPKIP ILLLLPYLFP VMAIVDRAYQ SIES 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

50

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

PSSPRAVRHS GHQDSKMASV VPVKDKKLE VKLGELPSWI LMRDFSPSGI FGAFQRGYYR 60
YNNKYINVKK GSISGITMVL ACYVLFYSYF SYKHLKHERL RKYH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

RRGASRGLPW CWHATCSLAT PFPTSISSTS GSANTEEDT LCTPPPHDLG PPSVRNTIS60
IVAESFHILI GINLQIKHDW YV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

KDSATIEIVF LTEGLGPRSW GGGVQSVSSS VVFAEPLVLE MLVGKGVAKE HVACQHHGNP 60
RDAPLLHIDV LVVVPVVTSL KRSENATRTE VPHQDPAWQL PQFDLQKFLV LHWYN 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

ARAARGARRT SRAVTPTCAT PAGPMPCSL PPSLRCSLHS ACCSGDPASY RLWGAPLQPT 60
LGVVPQASVP LLTDLAQWEP VLVPEAHPNA SLTMYVCTPV PHPDPPMALS RTPTRQISSS120
DTPPADGPS NPLCCCFHGP AFSTLNPVLR HLFPQEAFPA HPIYDLSQVW SVVSPAPSRG180
QALRRAQ 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 241 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

FFFFGLSNRC LLRAYAVLRL PFREPHECEA WPLPPGLQAP SLETPRNSRR LLSSSSTQST 60
SSQPLLGPPE CLSPAGCGGH HGPDLAQVID GVGREGFLGE EVPEHRVKGG ECWAMETAAE120
RVGGAICRRI CVTRADLPGG SPGEGHGRVR VGHARGADIHG QTCVRMCLRN QDRLEPLGQVC180
EEWHRGLGHH TQCGLQRGPP EPIAGRVRA AGRVQGAAGG WRQPAAGHGP RWRCTSRCHS240
T 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

MGWAGKASWG KRCLSTGLRV ENAGPWKQQQ RGLEGPSACG GVSLELICRV GVLERAMGGS 60
GWGTGVQTYM VRLALGCASG TRTGSHWARS VRSGTEAWGT TPSVGOSGAP QSL 113

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

AFLSFLFSEK FKASTTLFPP SLNLICTKS FALVGVVETA LSLSTSVREC EPPWQVPVQG 60
PAALHLGRVT GAPAVCPKAS PWPFGSLGR FRTEHQGRQA FQGISIN 107

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- 35 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

LRNRLWKVKL EEPDLISPTS KTPSEQQRPO HPPRTGDSIF MATPCGGRLT TSHHIPELS 60
SSSGMTSPSP PPSSSFSSFC LFVSELSCLS FFLRDSKPPR LCFPRPF 107

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- 60 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

IQKGRGKQSR GGFESLRKKE RQESSETRQ KDEKEEGGG GDGVIPLEEL SSGMMWWLVV 60
NRPPQGVAMK MESPVRGGCC GRCCSDGVFD VGLMRSGSSS FTFQSRFLSQ VVQWL 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

CSVRNLPRLR PKQGGEAFGH TAGAPVTRPR WRAAGPCTGT CQGGSHSRTL VLRLKAVSTT 60
PTSANDLVQI KFRRDGGNRV VEALNLSEKR KDRKAQKQRD RRMKKKKREV VGTASSRWS120
SALG 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

EGAGGEWRCP AAGGPRGEDG PPGLRLTERA GLTTRHLTGT ADPSQKHNLR DPSSSKDERI 60
QQTQPNREGA CSLNLHGLRY LCKPGVAPVL RVILRSLFNP NGFTSGSCRF SLGLSLILKW120
VAGGRGWLRP LLALRLQWE QDTSPEFHFF SCPNHAHTIV QNQTSEKWL HGHPPGPRKL180
HSKGLFTWQQ NPSPAVSP 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

LPPVEPPVLK GSCRKDMHRN EERERSENEV WRARPGPTAQ GSSPPPDAPF HPPPQCLLSP 60
KAPASEVLGA HPPQCGQGGK GOVLDTAKCP EMTLLLTHFF GPWQSPTCPQ HGAPGRTGRQ120
EGGW 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

NSGEVSCSQL CSLRASRGRS HPLPPATHFK MRLRPRLKRQ LPEVNPFGKR HERRMTLRTG 60
ATPGLHKYRR PWRRLQAPS LLGCVCCILS SLELLGSLRL CFWDGSAVPV RCLVVRPALS120
VSLSPGGPSS PLGPPAAGHL HSPPAPS 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

SREAPESRRW AVWRSLESLEP RHQLLCPLVG APPAPAMLSA LARPASAALR RSFSTSAQNN 60
 AKVAVLGASG GIGQPLSLLL KNSPLVSRLT LYDIAHTPGV AADLSHIETK AAVKGYLGPE120
 QLPDCLKGCD VVVIPAGVPR KPGMTRDDLF NTNATIVATL TAACAQHCPE AMICVIANPV180
 NSTIPITAEV FKKHGVYNPN KIFGVTTLDI VRANTFVAEL KGLDPARVNV PVIGGHAGKT240
 IIPILISQCTP KVDFFPDQLT ALTGRIQEAG TEVVKAKAGA GSATLSMAYA GARFVFSLVLD300
 AMNGKEGVVE CSFVKSQETE CTYFSTPLLL GKKGIEKNLG IGVSSFEK MISDAIPELK360
 ASIKKGEDFV KTLK 374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

LNEGTFHNTF LSIHCIIHKE DKAGAGIRHG EGGRACSGFS LDHLRAGLLD PPSECCQLVL 60
 GKVHLGGALR DQGDDGLPSM ATNDRDVDSS WIQTLQLCNK GVGSDDVQGR HAEDFVGVVH120
 SMLLENFCCD GDGGINRIGN DADHGFRVAVL GTGSGQGGHN RGIGVEQVVP GHAWLSGDSS180
 RNNYHITTFQ AVRQLRSEV AFHSGFGLDV AQICGHSGCV RDIIEGQAAH QGAVLQEK 238

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 242 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

EAGEEKAEEE GVAEEGVNK FSYPSSHREC CPAVEEEDDE EAVKKEAHRST STSALSPGSK 60
 PSTWVSCPGE EENQATEDKR TERSKGARKT SVSPRSSGSD PRSWEYRSGE ASEEKEEKAH120
 KETGKGAAAP GPQSSAPAQR PQLKSWWCQP SDEEEGEVKA LGAAEKDGEA ECPPCIPPPS180
 AFLKAWVYWP GEDTEEEDE EDEEDSDSGS DEEEGEAEAS SSTPATGVFL KSWVYQPGED240
 TQ 242

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 5 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

25 RPGCIGQERT LQSEDKEDDS EAALGEAESD PHPSHPDQRA HFRGWGYRPG KETEEEEAAE 60
 DWGEAEPCPF RVAIYVPGEK PPPPWAPPRL PLRLQRRLLR PETPTHDPDP ETPLKARKVR120
 FSEKVTVHFL AVWAGPAQAA RQGPWEQLAR DRSRFARRIT QAQEELSPCL TPAARARAWA180
 RLNPPLAPI PALTQTLPS SVPSSPVQTT PLSQAVATPS RSSAAAAAAL DLSGRRG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- 30 (A) LÄNGE: 890 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

50 QDEHLITFFV PVFEPLPPQY FIRVVS DRWL SCETQLPVSF RHLILPEKYP PPTLLDLQP 60
 LPVSALRNSA FESLYQDKFP FFPPIQTQVF NTVNSDDNV FVGAPTGS GK TICAFAILR120
 MLLQSSEGR C VYITPMEALA EQVMDWYEK FQDR LNKKVV LLTGETSTD L KLLGKGNIII180
 STPEKWDILS RRWKQRKNVQ NINLFVVDEV HLI GENG PV LEVICSRMRY ISSQIERPIR240
 55 IVALSSSLSN AKDVAHWLGC SATSTFNFHP NVRPVPLELH IQGFNISHTQ TRLLSMAKPV300
 YHAITKHSPK KPVIVFVPSR KQTRLTAIDI LTTCAADIQR QRFLHCTEKD LIPYLEKLSD360
 STLKETLLNG VGYLHEGLSP MERRLVEQLF SSGAIQVVVA SRSLCWGMNV AAHLVIIMDT420
 QYYNGKIHAY VDYPIYDVLQ MVGHANRPLQ DDEGR CVIMC QGSKKDFFKK FLYEPLPVES480
 60 HLDHCMHDHF NAEIVTKTIE NKQDAVDYLT WTFLYRRMTQ NPNYYNLQGI SHRHLSDHLS540
 ELVEQTLSD L EQSKCISIED EMDVAPLNLG MIAAYYYINY TTIELFSMSL NAKTKVRGLI600
 EIISNAAEYE NIPIRHHEDN LLRQLAQKVP HKLNNPKFND PHVKTNLLLQ AHL SRMQLSA660
 ELQSDTEEIL SKAIRLIQAC VDLSSNGWL SPALAAMELA QMVTQAMWSK DSYLKQLPHF720
 TSEHIKRCTD KGVESVFDIM EMEDEERNAL LQLTDSQIAD VARFCNRYPN IELSYEVVDK780
 65 DSIRSGGPV VLVQLEREE VTGPVIAPLF PQKREEGWV VIGDAKSNL ISIKRLTLQQ840
 KAKVKLDFVA PATGAHNYTL YFMSDAYMGC DQEYKFSVDV KEAETDS DSD 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

20

GDGSAEHGPR PLAAPLVTSR GAPASARPRG ALPGGSAPSA PHGQLPGRAQ PAPVSGPPPT 60
 SGLCHFDPAA PWPLWPGPWQ LPPHPQDWPA QPDIPQDWVS FLRSFGQLTL CPRNGTVTGK120
 WRGSHVVGLL TTLNFGDGPD RNKTRTFQAT VLGSQMGLKG SSAGQLVLIT ARVTERTTAG180
 TCLYFSAVPG ILPSSQPPIS CSEEGAGNAT LSPRMGEECV SVWSHEGLVL TKLLTSEELA240
 LCGSRLLVLG SFLLLFCGLL CCVTAMCFHP RRESHWSRTR L 281

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

30

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

50

RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60
 RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120
 YDCYKYPEWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180
 LPPARKEGDL PPLWYIVTR PRERPM 206

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

APFWDLVAIV SLIGGAPRRV REDVWLWMLT VPEFFLGLLQ QLGGLRHILF ILMFFKPGSH60
QTSKVSFVVS LDAPRLEVA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

VGGACAVALP QAAAMAGQED PVQREIHQDW ANREYIEIIT SSIKKIADFL NSFDMSCRSR60
LATLNEKLTA LERRIEYIEA RVTKGETLT 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

NSAVLLLGSC FTQHRPHGKG PSSQLLPFS LKSNRAYSCF SFFKSVAFGL CHLGCGVVCG60
KKFRGTVGND VRHFTFSVTF YTSTCQCI 88

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

25

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

HFIHLLVNVF ETFTAKSLGL FVKVLLTSIF LSLSLKLSLK FSLPLHCFCE QSLSPPHLWW60
EVRGSPGQDT HALAMWLPEN VVANPPVSC 89

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

50

(A) LÄNGE: 240 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

REQLFIEIR DTAKGETEQ PPSLSPLHGG RMPGEGEQ SLARETQSHR GRRQGWDAW 60
 VTRCRESLNR GGAGAGKRAG ALAHHVFLAL IEPNLAAREA SEEEVKACSD ETVVADLLVK120
 VVYVLGAILK IFLREGNVLN QHSGMDIEKY SEHYQHDHSP GAEDDAAGGQ LRPTAQERRH180
 KEGSRGSPRC KRARKAVGES PGCPRRGAEG AWPRPQPSHP GAAGGKGWAP LRTFAGDGAV240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

RLYMFVGPFPS KSFSVKGTS INTAEWTLKN IPSIINMITP QALRTMPQAA SFGPQHRSDA 60
 IKKGVGDRRG ASGLGKRWEK AQDALAGGQR GRGPGLNHPI RGRQAEKAGL LSGLSRETAP120
 SETKTAPGET FLDLCS 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

LQSRKVSPPG AVLVSDGAVS RESPERSPAF SACRPRMGWL RPGPRPLCPP ARASWAFSHR 60
 FPSPLAPRRS PTPFFMASLL CCGPKLAACG IVLSAWGVIM LIMLGIFFNH HSAVLIEDVP120
 FTEKDFENGP QNIYNLYEQV SYNCFIAAGL YLLGGFSFC QVRLNKRKEY MVR 173

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 2-5, 7-13, 16, 18, 20, 23, 26-27, 31-32, 36, 45.

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon. 5
 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasen-tumorge-webe erhöht exprimiert sind.
 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 50, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 10
 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren. 15
 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist. 20
 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz. 25
 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt. 30
 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10. 35
 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden. 40
 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist. 45
 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 51–106.
 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen. 50
 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 51–106, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor.
 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasen-tumor verwendet werden können. 55
 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50 in sense oder antisense Form.
 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 51–106 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasen-tumors.
 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 51–106, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasen-tumor. 60
 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 51–106.
 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 65
 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 50.
 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

5

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

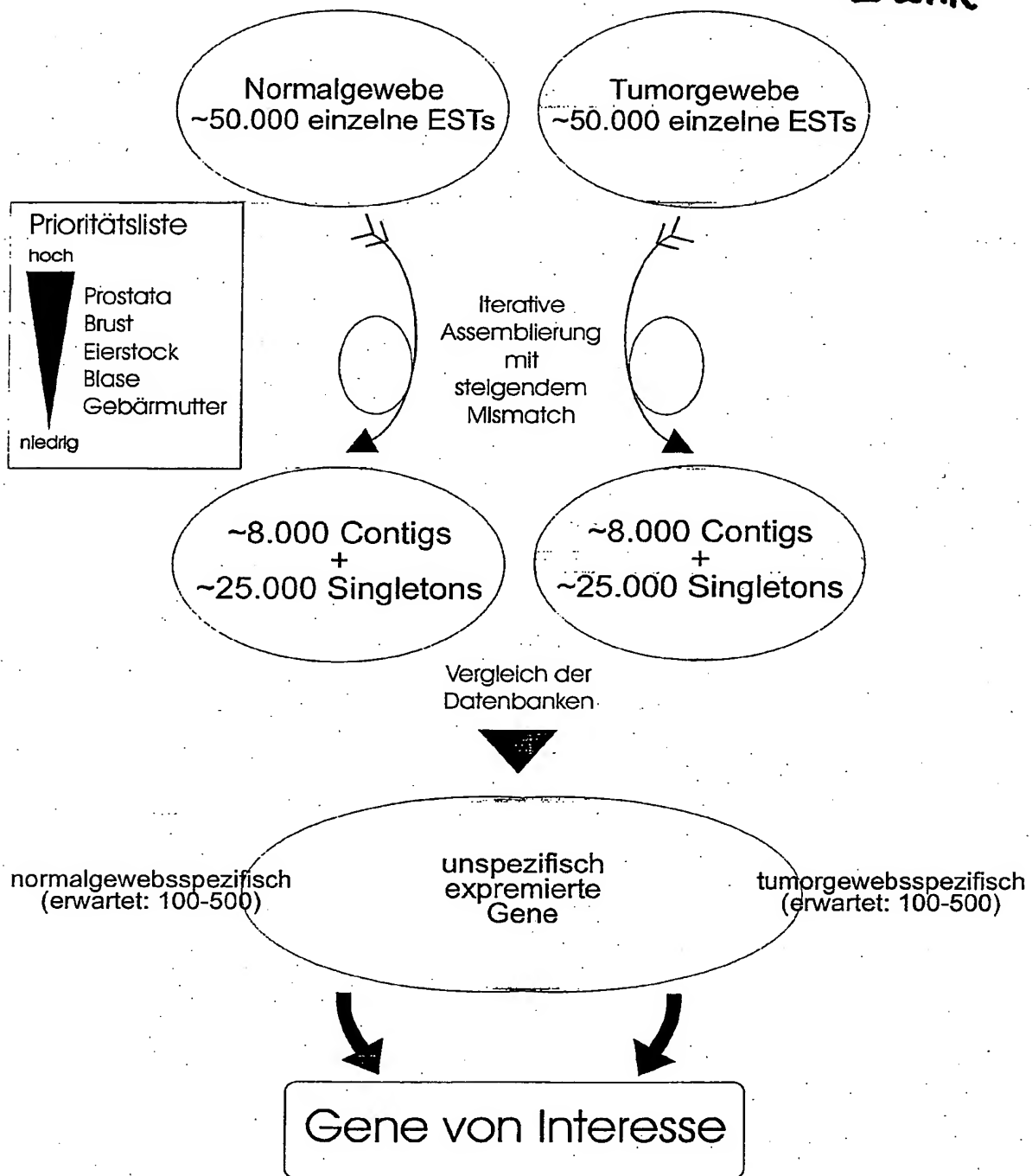


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

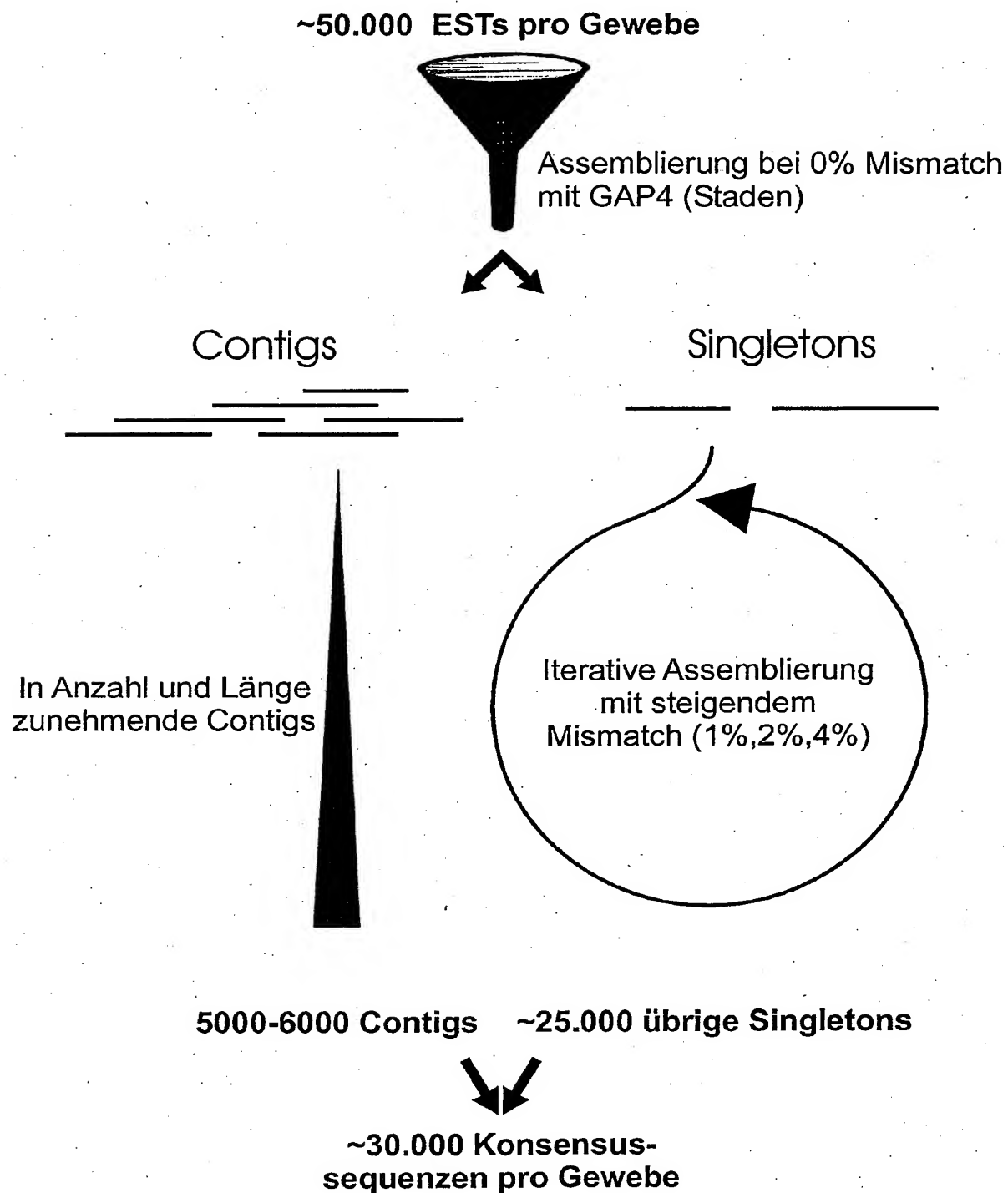


Fig. 2a

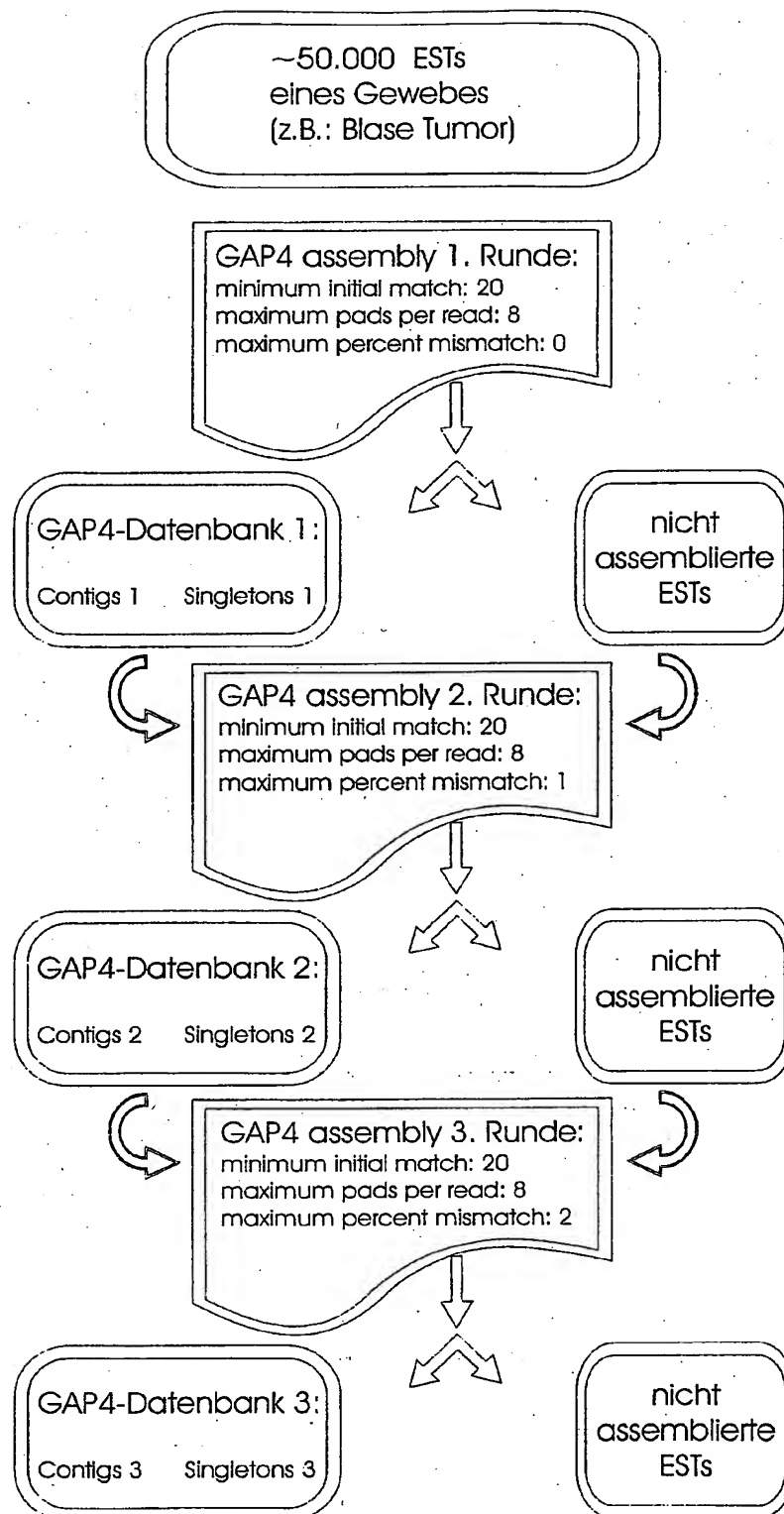


Fig. 2b1

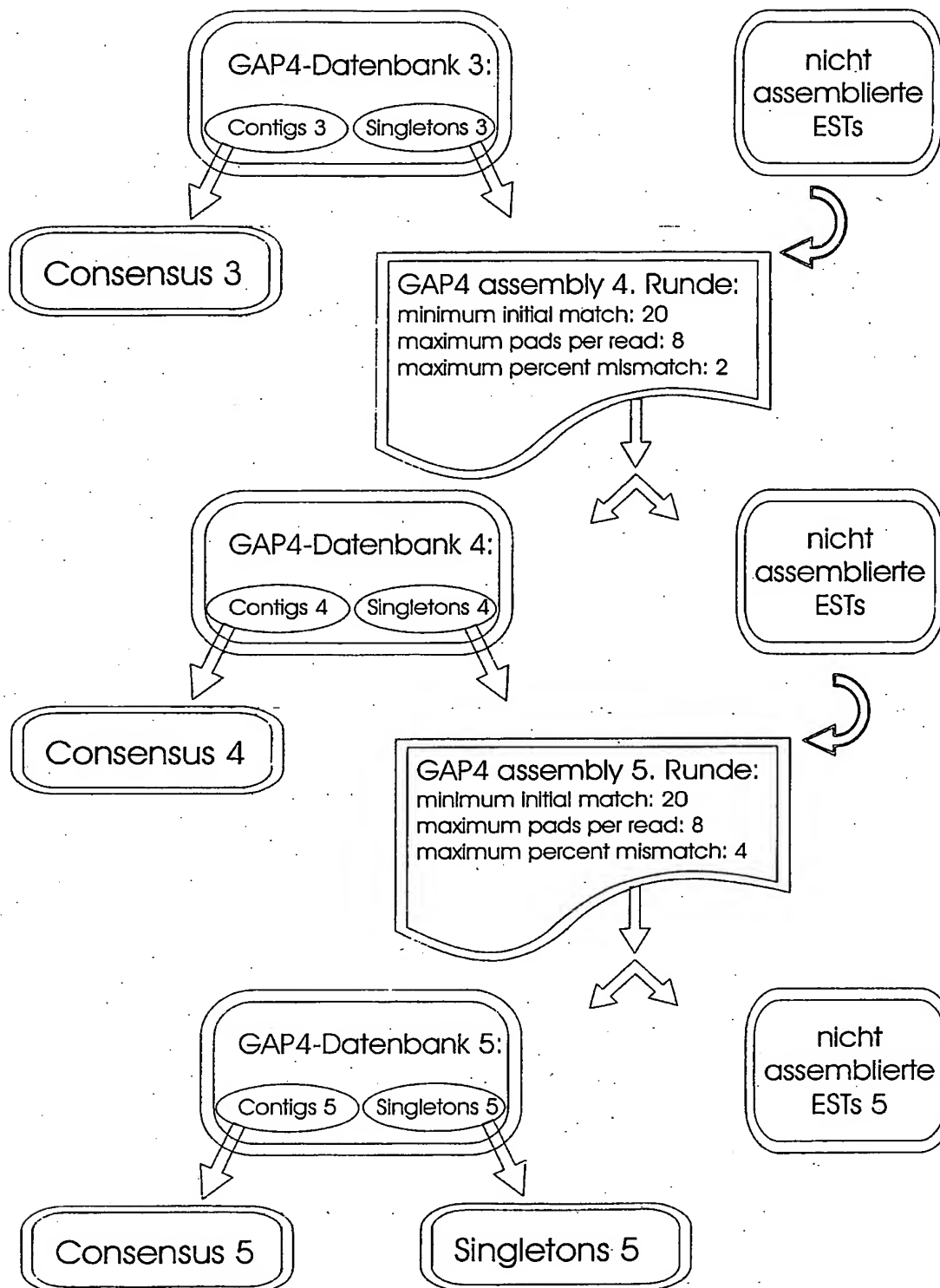


Fig. 2b2

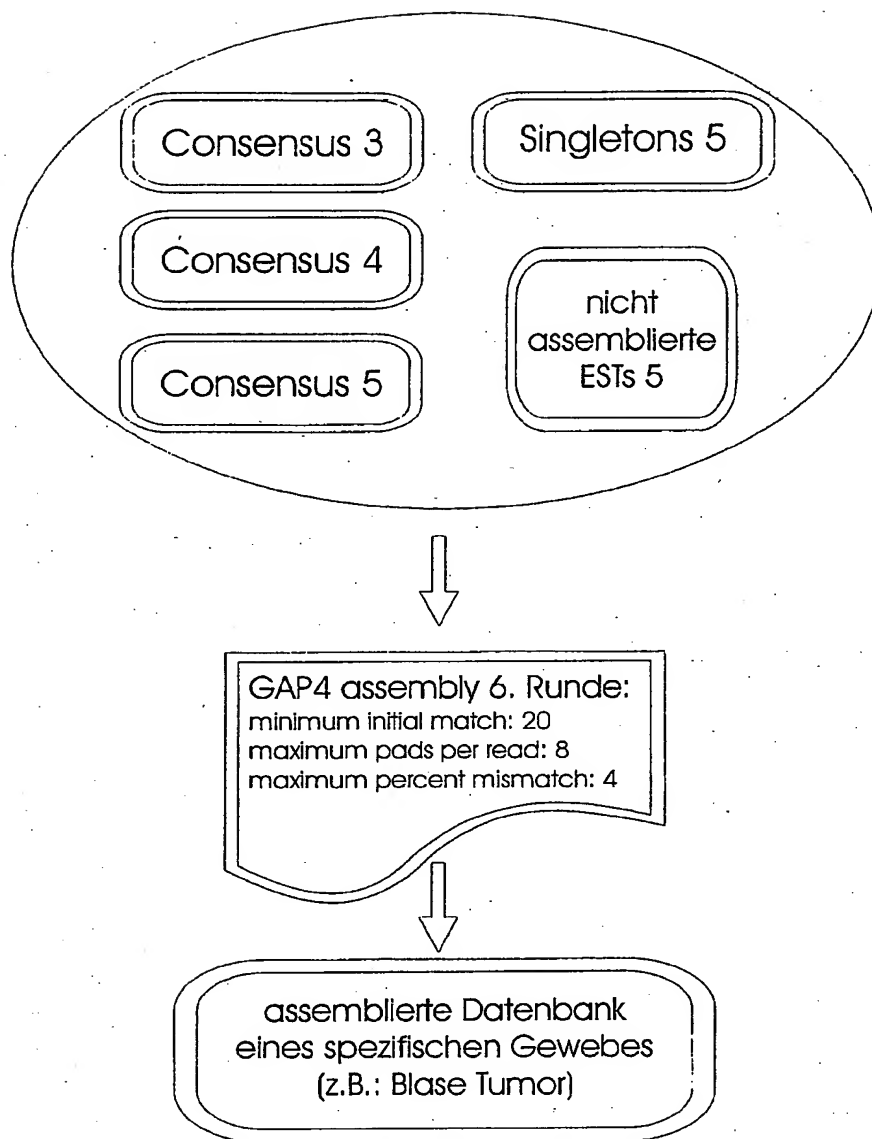


Fig. 2b3

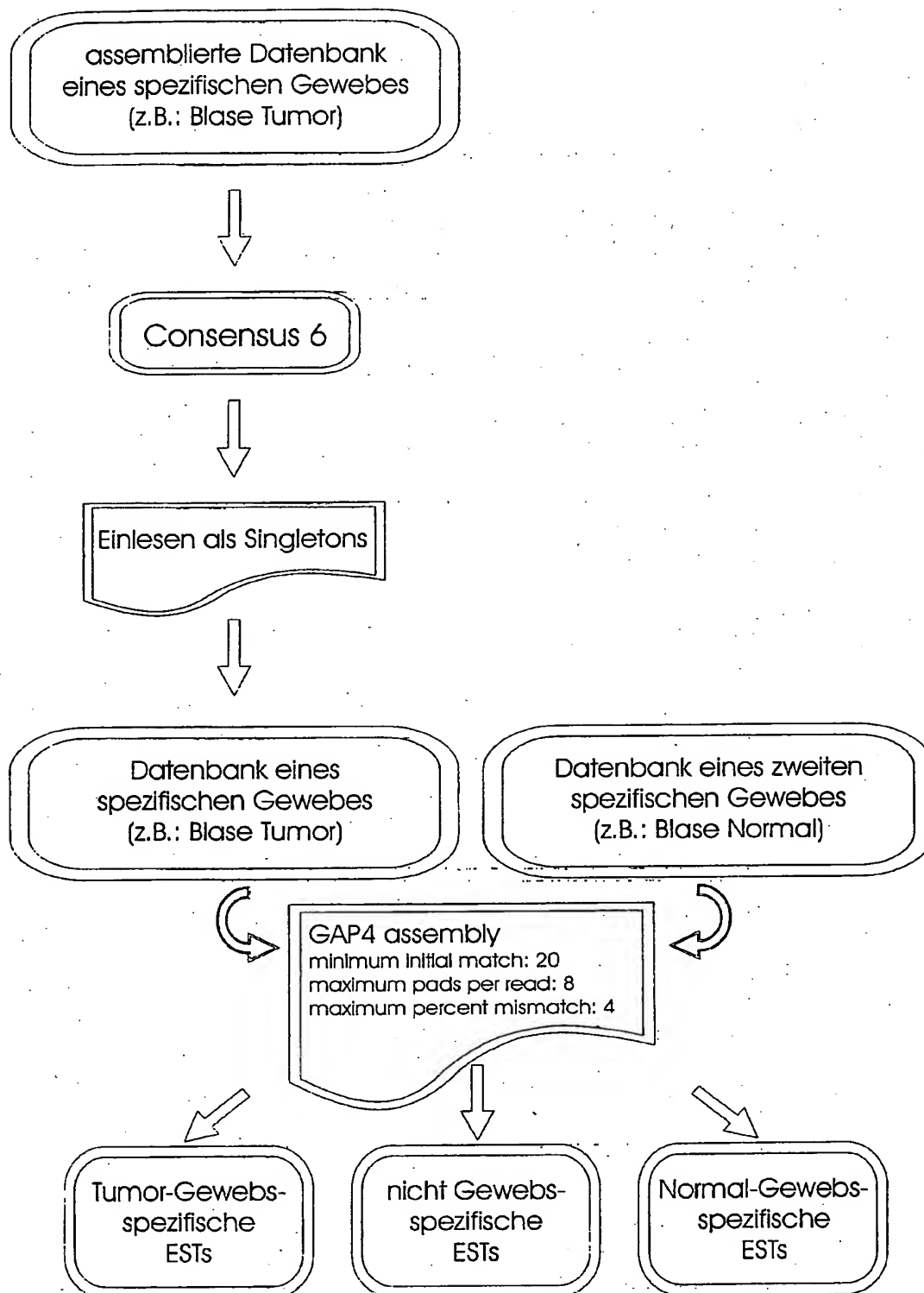


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

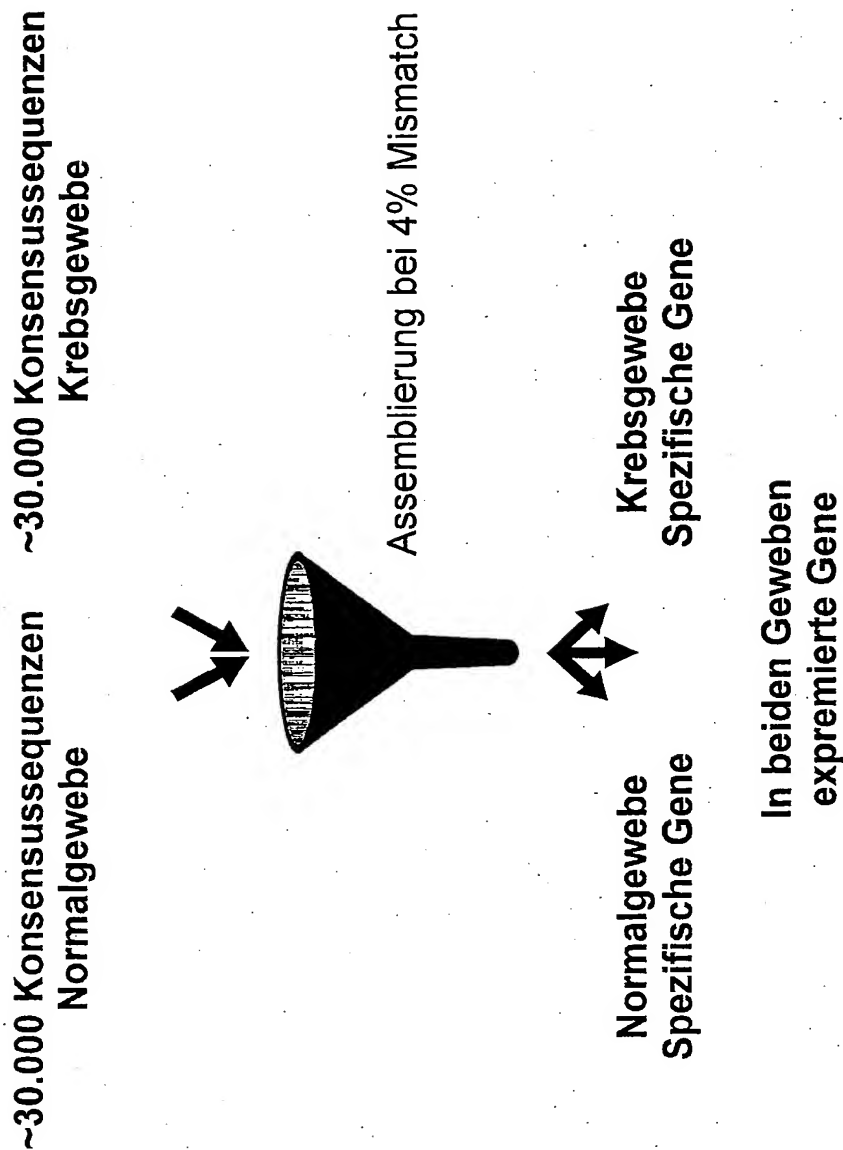


Fig. 3

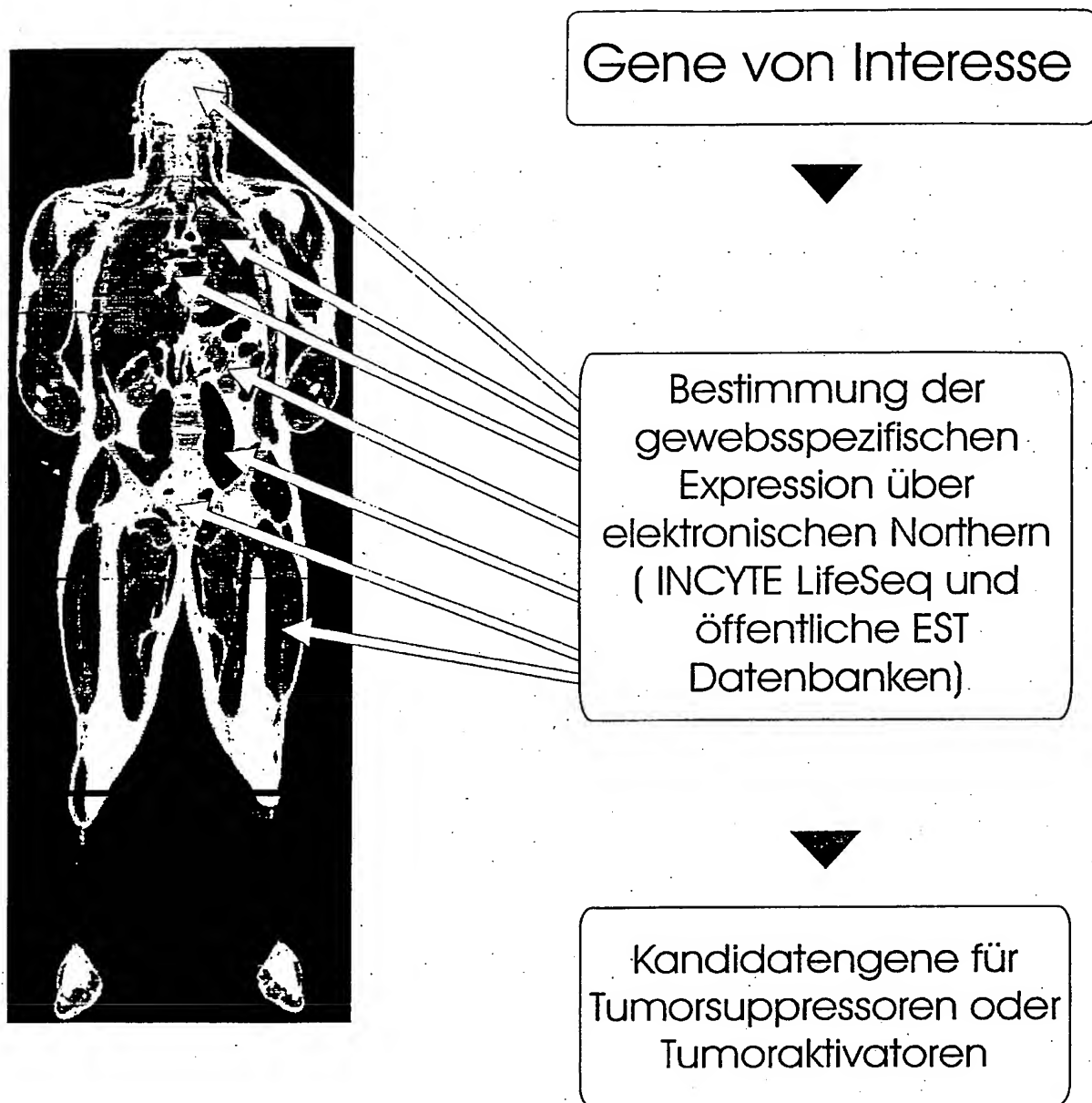


Fig. 4a

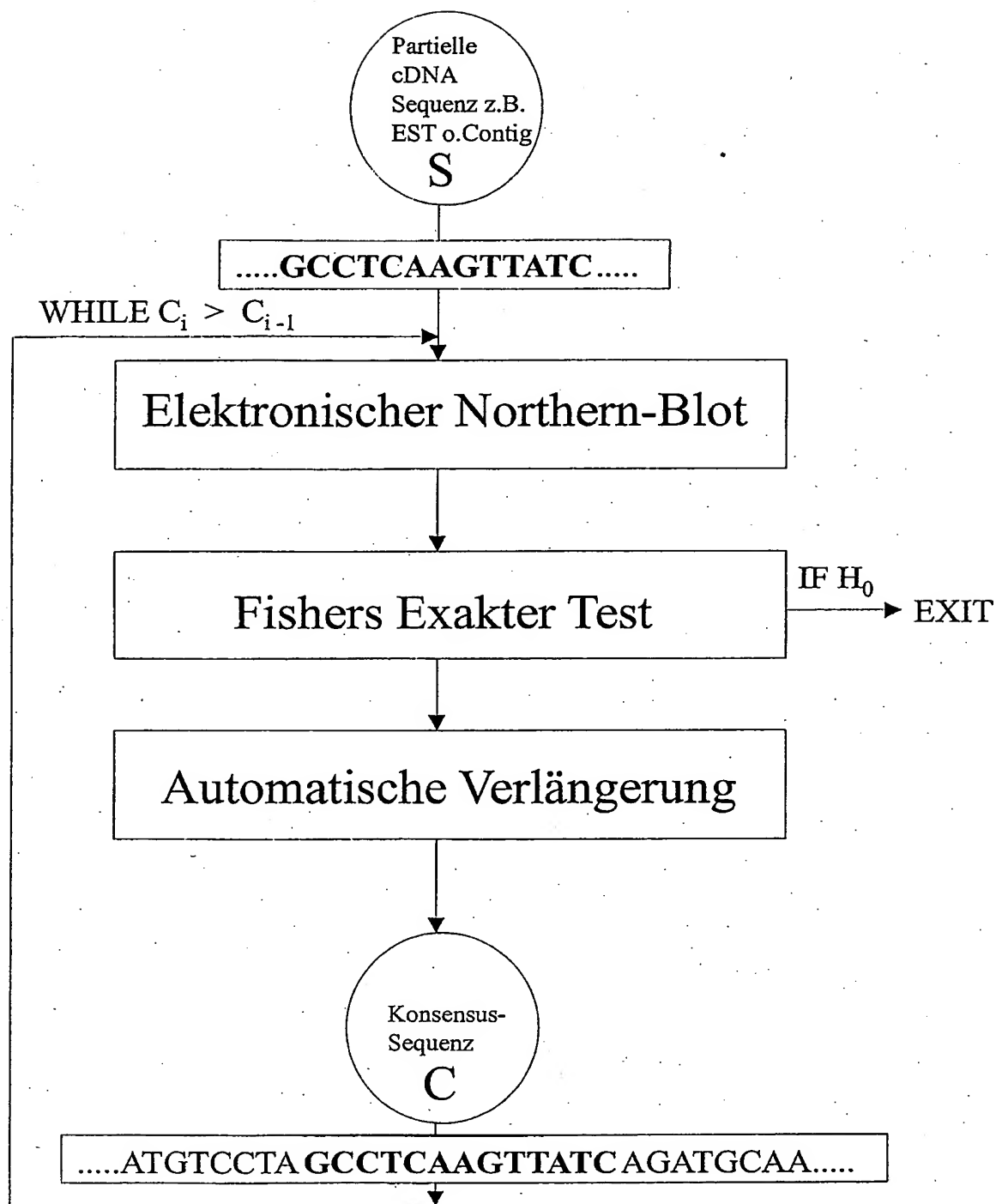


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5